

Eesti Maaülikool

Veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut

# **TERVE LOOM JA TERVISLIK TOIT**

**Konverentsi**

**„Terve loom ja tervislik toit 2021“  
artiklite kogumik**

Tartu 2021

Kogumiku peatoimetaja: Marko Kass

Toimetuskolleegium: Helena Andreson, David Arney, Julia Jeremejeva, Priit Karis, Marko Kass, Ants Kavak, Kristi Kerner, Heli Kiiman, Katrin Laikoja, Ragnar Leming, Giovanni Marcone, Kadrin Meremäe, Meelis Ots, Kristi Praakle, Alo Tänavots, Andres Valdmann

Kogumikus avaldatud artiklid on retsenseeritud ja korraldajate poolt toimetatud.

Konverentsi „Terve loom ja tervislik toit 2021“ korraldustoimkond: Riho Gross, Ülle Jaakma, Piret Kalmus, Marko Kass, Liis Käosaar (Publicon OÜ), Katrin Laikoja

© Eesti Maaülikool

ISSN 2674-5011

## Saateks

### Hea kaasteeline!

Elame kiirete muutuste ajal. Haridusasutuste osalisele või täielikult distantstõppele üleminek on pannud kõiki aru saama kontaktõppe tähtsusest. Seda mitte ainult akadeemilisest aspektist, vaid ka üliõpilaste ja õppejõudude sotsiaalse ning emotsionaalse heaolu aspektist. Suurenenud on üliõpilaste mure enda ja oma lähedaste tervise pärast. Samas valutavad nad südant õppe praktilise osa toimumise pärast.

Seda rõõmustavam on, et juba kaheteistkümnendat korda on meil võimalus osaleda konverentsil „Terve loom ja tervislik toit“, olles kujunenud sillaks teadlaste, tootjate ja töötajate vahel loomakasvatuse, looma tervishoiu, toiduhügieeni ja toiduainete tehnoloogiaga seotud valdkondades. Ikka ja jälle peame endilt küsima, et mida teha olukorras, kus puhas vesi ja tervislik toit hakkavad planeedil muutuma defitsiidiks?

Sellele küsimusele aitab vastust otsida meie instituudi konverents, mis ka tänavu toimub kahel päeval. Esimesel päeval ehk toidupäeval käsitletakse ressursside väärindamise ning toiduhügieeni ja toiduohutusega seotud küsimusi. Teine päev on pühendatud põllumajandusloomadega seotud probleemidele – bioriskide maandamisele, täppispidamisele ning nakkushaiguste ohjamisele. Hea meel on tõdeda, et ka seakasvatuse sektisioon on vahepealset madalseisust üle saanud ning rõõmustab osalejaid nelja ettekandega.

Viimasel ajal on näha, et konkurents heade töötajate leidmiseks muutub Eesti tööturul üha teravamaks. Üheks võimaluseks motiveeritud järelkasvu kasvatamisel on üliõpilastele praktikakohtade pakkumine. Teine võimalus on pakkuda lõputööde teemasid, sidudes uurimis- ja teadustöö ettevõtete jaoks oluliste küsimustega. Usun, et tihe koostöö tuleb kasuks kõikidele osapooltele ning aitab ette valmistada tööturul edukalt hakkama saavaid spetsialiste.

Ainult kõik koos saame kindlustada järeltulevatele põlvetele terve ning õnneliku elukeskkonna.

Jõudu meile selles!

**Toomas Tiirats**

Veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituudi direktor

## Sisukord

### 3 Saateks

### 6 Konverentsi päevakava

## 8 TERVISLIK TOIT

### 9 Toidutekkelised haiguspuhangud, nende põhjused ja ennetamise võimalused

*Mati Roasto, Katrin Laikoja, Mihkel Mäesaar*

### 19 Toidupatogeenide tuvastamine toidutootmise ja -töötlemise ahelas kasutades molekulaarseid analüüsimeetodeid

*Mihkel Mäesaar, Mati Roasto*

### 29 Toidu märgistamise valdkonna uued algatused

*Anneli Tuvike*

### 34 Taimetoitlusega seotud riskid ja soovitusel

*Marit Priinits*

### 38 The leadership of oat drinks in the market of plant-based beverages

*Monica Nabil Gayed Ibrahim, Ivi Jõudu*

### 44 *Listeria monocytogenes*'e esinemine lihatoodetes

*Julia Koskar, Mati Roasto, Kadriin Meremäe*

### 53 Kampülobakterid liha tootmise ahelas

*Triin Tedersoo, Mati Roasto, Jelena Sögel, Kadriin Meremäe*

### 62 Ülevaade projektist ResTA14 TAIMLOOMTOIT – Taimsete tootmisjääkide kasutamine liha- ja kalatoodete väärindamiseks ning nende säilivuse ja tervislikkuse parendamiseks

*Reelika Rätsep, Tõnu Püssa, Mati Roasto*

### 67 Fermenteeritud piimatoodete taimsete alternatiivide arenduses kasutatavate valgupulbrite lahustuvusomaduste uurimine

*Natalja Part, Tiina Krisciunaite, Maret Viirma, Helen Vaikma, Mary-Liis Kütt*

### 69 Idandatud terade mikrobioloogiliste ja keemiliste parameetrite kaardistamine

*Anna Traksmaa, Ksenia Šestopalova, Aili Kallastu, Marina Junusova, Julia Rosend, Raivo Vilu*

### 71 Polüfenoolid õuntes

*Dea Anton, Linda Rusalepp, Reelika Rätsep, Hedi Kaldmäe, Uko Bleive, Mati Roasto, Tõnu Püssa*

## 83 TERVE LOOM

### 84 Endeemiliste nakkushaiguste levimus ja seos lehmade eluea pikkuse ning praakimismääraga Eesti suurtes piimaveisekarjades

*Triin Rilanto, Dagni-Alice Viidu, Toomas Orro, Arvo Viltrop, Kerli Mõtus*

### 99 Bioturvalisuse meetmete rakendamine Eesti piimaveisefarmides ja seos nakkushaiguste esinemisega

*Kerli Mõtus, Tuula Sihvonen, Dagni-Alice Viidu, Triin Rilanto, Arvo Viltrop*

### 105 Piimaveisefarmide vasikatalitajaid motiveerivad tegurid ja seos vasikate suremusega

*Dagni-Alice Viidu, Triin Rilanto, Toomas Orro, Arvo Viltrop, Tanel Kaart, Kerli Mõtus*

### 110 Sigade Aafrika katku alane olukord Euroopas ja Eestis 2018-2020

*Arvo Viltrop*

### 114 Parmude (Diptera: Tabanidae) potentsiaal sigade Aafrika katku viiruse levitajatena Eesti metsseapopulatsioonis

*Reet Herm, Lea Tummeleht, Arvo Viltrop*

### 123 Omavalmistatud kuivsooda mõju võõrdepörsaste kasvudünaamikale

*Varpo Vare*

### 129 Sigade Aafrika katku tõrjemeetmete aktsepteeritus seapidajate poolt. Osalusuuring Eestis

*Lidiia Moskalenko, Arvo Viltrop, Kerli Mõtus*

### 132 Üle-euroopaline lihavesikasvatuse võrgustik BovINE

*Airi Külvet*

### 134 Tootjaorganisatsioon Eesti Liha – võimalused ja koostöö

*Anu Hellenurme, Meeli Lindsaar, Kaie Laaneväli-Vinokurov*

### 141 Väikemäletsejaliste pidamine vajab nutikaid täppispidamise ja digitaaltehnoloogia arenguid Eestis

*Peep Piirsalu*

### 145 Eesti piimaveiste populatsiooni kirjeldamine genoomaretusväärtuste alusel

*Tõnu Põlluäär, Tanel Kaart, Haldja Viinalass, Hardi Tamm*

### 153 Toitumuse automaatse hindamise süsteemi kasutamine optimaalse seemendusaja määramiseks piimafarmis

*Hanno Jaakson, Meelis Ots, Katri Ling, Priit Karis, Merike Henno*

### 159 Eesti hobusetõugude geneetiline mitmekesisus ja sugulus teiste tõugudega

*Erkki Sild*

### 169 Table of contents

### 171 Nimeloend

## Konverentsi päevakava

### KOLMAPÄEV, 3. märts Tervislik toit

<b>Kõnejuht: Marko Kass</b>	
09.40 - 10.00	SISSE LOGIMINE JA VEEBITERVITUS MUUSIKAGA
10.00 - 10.05	Avasõnad, videotervitus Eesti Maaülikooli rektor Mait Klaassenilt
10.05 - 10.35	<b>Toidutekkelised haiguspuhangud: põhjused ja ennetamise võimalused</b> - Mati Roasto, Katrin Laikoja, Eesti Maaülikool
10.35 - 11.00	<b>Toidupatogeenide tuvastamine toidutootmise ja -töötlemise ahelas kasutades molekulaarseid analüüsimeetodeid</b> - Mihkel Mäesaar, Eesti Maaülikool
5 MINUTIT PAUSI	
11.05 - 11.30	<b>Toidu märgistamise valdkonna uued algatused</b> - Anneli Tuvike, Maaeluministeerium
11.30 - 12.00	<b>Roheline piim – kas tulevikutoit või ulme?</b> - Ülo Kivine, Tere AS/Farmi
12.00 - 13.00	Paus ja stendiettekannte tutvustamine 30 minutit

#### Kõnejuht: Katrin Laikoja

13.00 - 13.30	<b>Taimetoitlusega seotud soovitusel ja ohud</b> - Marit Priinits, Tervise Arengu Instituut
13.30 - 14.00	<b>Väiketootja kogemus eksporditurgudele sisenemisel</b> - Siim Kabrits, Chaga Health
5 MINUTIT PAUSI	
14.05 - 14.25	<b>Kaerajookide eelised taimsete jookide turul</b> - Monica Nabil Ibrahim, Eesti Maaülikool
14.25 - 14.45	<b>Kaubanduslike pärmide mõju kombucha omadustele samaaegsel kääritamisel</b> - Maarja Abel, Eesti Maaülikool
14.45 - 15.00	PAUS
15.00 - 15.30	<b>Listeria monocytogenes'e esinemine ja taimsete lisandite antibakteriaalne toime lihatoodetes</b> - Julia Koskar, Eesti Maaülikool
15.30 - 15.50	<b>Kampülobakterid liha tootmise ahelas</b> - Triin Tedersoo, Eesti Maaülikool
5 MINUTIT PAUSI	
15.55 - 16.15	<b>Taimsete tootmisjäakide kasutamine liha- ja kalatoodete väärindamiseks</b> - Reelika Rätsep, Eesti Maaülikool
16.15 - 16.35	<b>Polütsükliilised aromaatsed süsivesinikud toidus</b> - Sirje Jalakas, Eesti Maaülikool
16.30 - 17.00	KOKKUVÕTE - PÄEVA LÕPETAMINE

### NELJAPÄEV, 4. märts Terve loom

<b>Kõnejuht: Marko Kass</b>	
09.15 - 09.30	SISSE LOGIMINE JA VEEBITERVITUS MUUSIKAGA
09.30 - 10.00	<b>Nakkushaiguste levimus ja seos praakimisega Eesti piimaveisekarjades</b> - Triin Rilanto, Eesti Maaülikool
10.00 - 10.30	<b>Eesti piimaveisefarmide bioturvalisus ja seos nakkushaiguste esinemisega</b> - Kerli Mõtus, Eesti Maaülikool
5 MINUTIT PAUSI	
10.35 - 11.00	<b>Piimaveisefarmide vasikatalitajaid motiveerivad tegurid ja seos vasikate suremusega</b> - Dagni-Alice Viidu, Eesti Maaülikool
11.00 - 11.30	<i>Sponsorloeng Smart Farm esitleb: Kõik, mida mõõdad, läheb paremaks</i> - Katri Puusepp ja Sven Saal, Dimedium
11.30 - 12.00	<b>Pandeemia mõjud sektorile ja riiklikud tegevused</b> - Tiina Saron, Maaeluministeerium
12.00 - 13.00	PAUS ja stendiettekannte tutvustamine 30 min

#### Kõnejuht: Priit Päck

13.00 - 13.30	<b>Sigade Aafrika katku olukorrast meil ja EL-is</b> - Arvo Viltrop, Eesti Maaülikool
13.30 - 14.00	<b>Sigade Aafrika katku putuksiirutajad</b> - Reet Herm, Eesti Maaülikool
5 MINUTIT PAUSI	
14.05 - 14.30	<b>Võõrdepörsaste juurdekasvu dünaamika kuivsootmisel</b> - Varpo Vare, Eesti Maaülikool
14.30 - 15.00	<b>Sigade Aafrika katku tõrjemeetmete aktsepteeritus seapidajate pool</b> - Lidiia Moskalenko, Eesti Maaülikool
15.00 - 15.10	<i>PAUS ja stendiettekannte preemiad</i>
15.10 - 15.30	<b>BovINE Euroopa lihaseise innovatsiooni võrgustikust</b> - Airi Külvet, Liivimaa Lihaseise
15.30 - 15.50	<b>Eesti Liha tootjaorganisatsioon – võimalused ja koostöö</b> - Anu Hellenurme, Põllumajandus- ja Kaubaduskoda
5 MINUTIT PAUSI	
15.55 - 16.20	<b>Lammaste ja kitsede täppispidamine ja digitaaltehnoloogia</b> - Peep Piirsalu, Eesti Maaülikool
16.20 - 16.45	<b>Eesti piimaveiste populatsiooni hindamine genoomaretusväärtuste alusel</b> - Tõnu Põlluäär, Eesti Maaülikool/Eesti Tõuloomakasvatavate Ühistu
16.45 - 17.10	<b>Toitumuse automaatse hindamise süsteemi kasutamine piimaveisefarmis</b> - Hanno Jaakson, Eesti Maaülikool
17.10 - 17.30	KONVERENTSI LÕPETAMINE

## TERVISLIK TOIT

### Toidutekkelised haiguspuhangud, nende põhjused ja ennetamise võimalused

Mati Roasto\*, Katrin Laikoja, Mihkel Mäesaar

*EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, toiduhügieeni ja rahvatervise õppetool*

*\*mati.roasto@emu.ee*

#### Sissejuhatus

Artikkel annab ülevaate olulisematest loomalt inimesele ülekantavate haiguste ning toidutekkeliste haiguspuhangute põhjustest, haiguspuhangute tuvastamisest ja ennetamise võimalustest.

Maailma Terviseorganisatsiooni andmetel haigestub igal aastal saastunud toidu tarbimise tagajärjel ligikaudu 600 miljonit inimest, 420 000 inimest sureb ning toidutekkelistest haigustest tingituna läheb kaduma 33 miljonit tervena elatud eluaastat (DALY, *disability-adjusted life year*). Tervisele ohtlike mikroorganisme ja saasteaineid sisaldav toit põhjustab enam kui 200 haigust alates kergekujulisest kõhulahtisusest kuni surmavate haigusteni (WHO, 2021). Saastunud toit põhjustab enamasti haiguse üksikjuhtumeid, kuid sageli ka ulatuslikke toidutekkelisi haiguspuhanguid. Toidutekkeline nakkuspuhang on kahel või enamal inimesel täheldatud haigus- või nakkusjuhtumi esinemine, mille puhul on ühisosaks toidutekkeline nakkusallikas (Maaeluministeerium, 2019).

Aastal 2018 esines EL-i liikmesriikides loomalt inimesele ülekantavatest haigustest ehk zoonoosidest kõige enam kampülobakterioosi (246 571 haigusjuhtu), salmonelloosi (91 857), Shiga-toksiini tootva *Escherichia coli* (STEC) infektsioone (8161), jersinioosi (6699) ja listerioosi (2549) Kusjuures võrreldes 2017. aastaga oli haigestumus zoonoosidesse aasta hilisemaga suurem, v.a. jersinioos, mida registreeriti veidi enam (6823 haigusjuhtu).

Aastal 2019 registreeriti Eestis 348 kampülobakterenteriidid, 154 salmonelloosi, 42 *Yersinia enterocolitica* enteriidi ning 22 listerioosi haigusjuhtu (Terviseamet, 2020).

Aasta varem (2018. a.) registreeriti Eestis 411 kampülobakterenteriidi, 323 salmonelloosi, 63 *Yersinia enterocolitica* enteriidi ning 28 listerioosi haigusjuhtu (Terviseamet, 2020).

Salmonelloosi juhtude olulist langust saab põhjendada haiguspuhangute arvu olulise langusega, sest 2018. aastal registreeriti Eestis 18 rühmaviisilist haigestumist, mis hõlmas 150 salmonelloosi juhtu, kuid 2019. aastal registreeriti kaheksa rühmaviisilist haigestumist, ühtekokku 22 haigestunuga.

Nakkushaigustesse, k.a. soolenakkustesse haigestumise põhjused jäävad sageli teadmata, kuid teades eelmainitud haigusi põhjustavate patogeenide tugevat seost saastunud toiduga, võib oletada, et suurem osa neist on toidutekkelised.

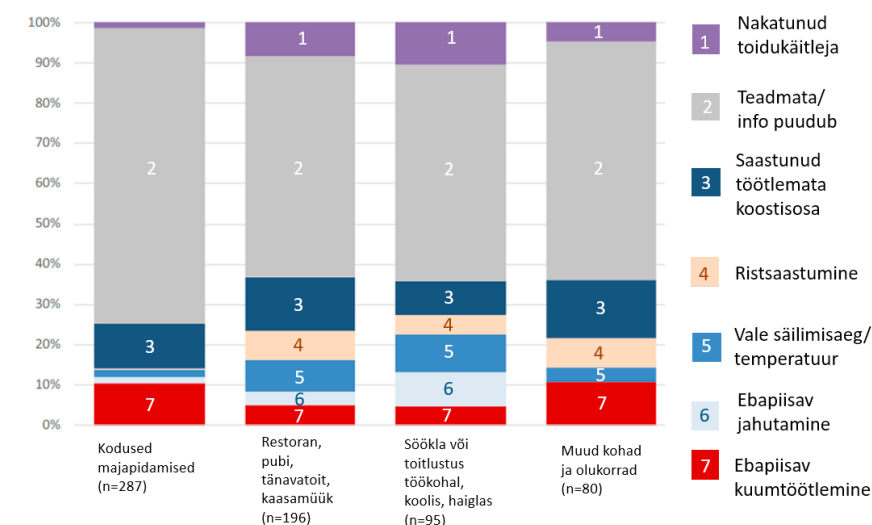
### Toidutekkelised haiguspuhangud Euroopa Liidus

Aastal 2018 registreeriti EL-s 5 146 toidutekkelist (k.a. joogiveest tingitud) haiguspuhangut. Haiguspuhangutega seonduvalt saastunud toidu tagajärjel haigestus ühtekokku 48 365 inimest, kellest haiglaravi vajas 4588 ning suri 40 inimest (EFSA, 2019). Võrreldes 2017. aastaga kasvas 2018. aastal nii haiguspuhangute kui ka surmaga lõppenud haigusjuhtumite arv. Haiguspuhangute arvu tõus oli eelkõige tingitud *Salmonella* ja noroviiruste haiguspuhangute kasvust. Toidutekkeliste haigustega seonduvate surmajuhtumite arvu 21,2% tõus oli tingitud mitmeid riike hõlmanud listerioosi haiguspuhangutest, mida iseloomustasid kõrge haiglaravi vajavate ning surmaga lõppenud haigusjuhtumite määr.

Aastal 2018 olid toidutekkelised haiguspuhangud põhjustatud enamasti bakteritest (57,0%), bakterite toksiinidest (24,2%), viirustest (13,5%), muudest haigustekitajatest (4,3%) ja parasiitidest (1,0%). Kõige enam põhjustas toidupatogeenidest haiguspuhanguid *Salmonella* (30,7%), olles 14 liikmesriigis haiguspuhangute peamine põhjus. *Salmonella* serogruppidest domineeris *S. Enteritidis*, põhjustades koguni 84,1% salmonelloosi haiguspuhangutest EL-is. Eriti suur salmonelloosi haiguspuhangute osakaal registreeriti Poolas, Slovakkias ja Hispaanias. Oluliselt tõusis noroviirustest tingitud toidutekkeliste haiguspuhangute arv (vastavalt 2017. a. - 211 ja 2018. a. - 389), kusjuures 12 juhul oli tegemist suurte (üle 100 inimese) puhangutega. Ühtekokku

haigestus 2018. aastal noroviirus-infektsioonidesse 8507 inimest.

Enamus (40,5%) toidutekkelisi haiguspuhanguid sai 2018. aastal alguse koduköökides ning 28,1% restoranidest, kohvikutest, baaride ja hotellide toidlustusest ning teistest toidlustusteenustest. Haiguspuhangute põhjuseid ei ole alati võimalik kindlaks teha, kuid sageli eksitakse toiduhügieeni/toiduohutuse põhimõtete vastu (joonis 1; modifitseeritud EFSA 2019 järgi): kasutatakse saastunud toorainet ja materjale, ei kuumutata toitu piisavalt, ei peeta kinni säilimisajast või säilitamise temperatuurist ning toitu käitleb nakatunud toidukäitleja.



**Joonis 1.** Riskitegurid 2018. a. haiguspuhangutes (n=462, mis moodustab 65,1% tugeva tõendusega haiguspuhangutest).

Vastavalt Euroopa Toiduohutusameti 2017. aasta zoonooside aruandele (EFSA, 2018) jäi paljude (37,6%) toidutekkeliste haiguspuhangute puhul puhangu põhjustanud haigustekitaja kindlaks määramata, kuid kõrgeim haigustekitaja ja toiduga seonduv risk haiguspuhangute tekkes tehti kindlaks salmonellade esinemisega munades, lihas ja lihatoodetes. Lisaks salmonelladele olid haiguspuhangute tekkes olulised ka bakteriaalsed toksiinid liha- ja liittoitudes, histamiin kalas ning kampülobakterid piimas ja piimatoodetes ning lihas ja lihatoodetes. Aastal 2018 põhjustasid toidutekkelisi haiguspu-

hanguid põhiliselt loomset päritolu toidud, eriti muna ja munatooted, millele järgnesid liha ja lihatooted, kala ja kalatooted, liittoidud ning piim ja piimatooted. Tugeva tõendusega haiguspuhangutest 27% oli tingitud põhiliselt taimset päritolu toitude saastumisest.

*Salmonella* haiguspuhangud olid põhiliselt tingitud munadest ja munatoodetest; Shiga-toksiini tootva *Escherichia coli* ja *Campylobacter* haiguspuhangud piimast ja piimatoodetest; noroviirustest ja mere biotoksiinidest haiguspuhangud mereandidest (koorikloomad, karbid, molluskid ja nendest valmistatud tooted) ning listerioosi haiguspuhangud olid sageli põhjustatud köögiviljadest ja mahladest (EFSA, 2019).

### Toidutekkeliste haiguspuhangute tuvastamine

Viimastel aastatel on tänu täisgenoomse sekveneerimise (WGS, *Whole-genome sequencing*) tehnoloogiate ja genoomiandmete uude profiileerimise meetodite kasutuselevõtuga suudetud järjest enam kindlaks määrata toidutekkeliste haiguspuhangute põhjuseid. WGS-i kasutusele võtmine on võimaldanud rohkem avastada ka üksikute haigusjuhtudega haiguspuhanguid ning seostada inimeste haigused konkreetsete toitude või tootmiskeskondadega suurema kindlustundega kui kunagi varem (Jackson jt., 2016; Moura jt., 2017). WGS-i kasutatakse üha sagedamini haiguspuhangute tuvastamise esmase vahendina, mis võimaldab kindlaks teha ka mitut riiki hõlmavaid toidutekkelisi haiguspuhanguid (Besser jt., 2018). Selleks võrreldakse erinevate riikide patsientidelt isoleeritud patogeensetüvede genoomseid haiguspuhangute esinemisele viitavate geneetilistelt identsete tüvede esinemise kindlaks tegemiseks. Patsiente intervjuerimisel võib selguda ühine nakatumisallikas, nt sama toit (Besser jt., 2019). Aastatel 2018/2019 tehti Euroopas listerioosi haiguspuhangute põhjustajatena kindlaks Ungari, Eesti, Poola ja Hollandi päritolu toidukäitlemisettevõtted, kus mõnel juhul oli tegemist ka ettevõtte-spetsiifiliste *L. monocytogenes*'e tüvedega. Üks listerioosi haiguspuhangutest, millele EL-i liikmesriikide meedia palju tähelepanu pööras, mõjutades oluliselt avalikku arvamust, oli tingitud külmutatud köögiviljade saastumisest listerieatega. Köögiviljade saastumine leidis aset ühes Ungari köögiviljade külmutamise ettevõttes, sest listerioosi puhangu põhjustanud *Listeria monocytogenes*'e tüve (serogrupp IVb ST6) isoleeriti antud ettevõtte külmutatud köögiviljadest. Haiguspuhangu tuvastamiseks kasutati WGS meetodit, mis näitas olulist geneetilist seost haigestunud ini-

mestelt ja saastunud toidust pärinevate *L. monocytogenes*'e isolaatide vahel. Saastunud toodete jälgitavuse teave viitas saasteallikale Ungari ettevõttes. Ühtekokku registreeriti antud haiguspuhanguga seondult 48 invasiivse listerioosi juhtumit, mille tagajärjel suri üheksa inimest. Listerioosi haiguspuhang sai alguse juba 2015. aastal ning sellega seonduvaid haigusjuhtumeid registreeriti Austrias, Taanis, Soomes, Rootsis ja Suurbritannias (EFSA ja ECDC, 2018).

Paljudes riikides on kasutusele võetud usaldusväärsed mikrobioloogilised ja bioinformaatilised meetodid, mida kasutatakse haiguspuhangute ning nende tekkepõhjuste kindlaks määramiseks. Samuti on olemas tarkvaralahendused ja vastavad süsteemid probleemse toidu jälgimiseks. Erinevate uude lahenduste süsteemne kasutamine annab võimaluse toidutekkeliste haiguste ning nende põhjuste kiireks tuvastamiseks ning haigusjuhtude ennetamiseks.

### Toidutekkeliste haiguste ja haiguspuhangute ennetamine

Suur osa toidutekkelisi haiguspuhanguid on põhjustatud toitlustamise tasandil tehtud vigadest (joonis 1). Toidumürgistusjuhtumite, k.a. toidutekkeliste haiguspuhangute ennetamiseks tuleb tunda ning järgida toidu säilitamise eritingimusi (Laikoja ja Roasto, 2020), vältida toidu ristsaastumist ning tagada enesekontrollisüsteemide tõendatud tõhusus. Toidu säilitamise erinõuetena mõistetakse jahutatud ja/või kuuma toidu käitlemise ning säilitamise temperatuure, mis tagavad toidu ohutuse.

Toidu mikrobioloogilise ohutuse tagamiseks tuleb toitu **kuumutada/taaskuumutada** sisetemperatuurini vähemalt 75 °C.

Toidu **kuumsäilitamisel** peab tagama vähemalt 63 °C temperatuuri kogu toidu ulatuses. Ühtlase temperatuuri saavutamiseks tuleb kuumsäilitatavat toitu võimalusel regulaarselt segada. Kuumalt müüdavate toitude organoleptilised omadused võivad halveneda, mida tuleb arvesse võtta kuumsäilitamise aja kehtestamisel. Kuumsäilitamisel ei tohi uut toitu kokku segada juba varasemalt müügiletti väljapandud toiduga, sest vanema toidu kuumsäilitamine võib niiviisi kesta ettenähtust kauem. Selle tagajärjel halveneb oluliselt toidu kvaliteet ning võivad tekkida probleemid toiduohutuse tagamisega. Toitu võib taaskuumutada ainult üks kord. Juhul kui toitu kuumsäilitatakse kauem kui 2 tundi, tuleb toidu temperatuuri mõõta vähemalt iga kahe tunni järel.



Kiirestiriknevat toitu säilitatakse **jahutatuna**, tulenevalt toidu eripärast, temperatuuril 0–6 °C kraadi. Kiirestiriknev on toit, mis oma koostise tõttu on soodne keskkond toidu riknemist põhjustavate mikroorganismide kasvuks ja paljunemiseks, nt valgurikkad liha-, piima- ja kalatooted, liittoit. Toitlustamises peab jahutatud toitu reeglina säilitama temperatuuril 6 °C või alla selle, v.a alljärgnevatel juhtudel.

- Kui jahutatud toit on temperatuuril üle 6 °C (kontrollimata temperatuuril) olnud kuni kaks tundi, siis võib selle täiendavalt maha jahutada temperatuurile 6 °C (või alla selle) ning säilitada sellel temperatuuril kuni tarbimiseni.
- Kui külmeti kasutamise võimalus puudub, siis võib jahutatud toidu välja panna ilma jahutusseadmeta/külmetita kuni neljaks tunniks. Seda tohib teha ainult korra ja 4 tunni möödumisel tunnistada toit inimtoiduks kõlbmatuks ja ära visata. Põhjuseks on toidu liiga pikaajaline viibimine ohutsoonis, mistõttu toiduohutus ei ole tagatud.

Toidu serveerimisel iseteenindusletist (inglise keeles *buffet*), tuleb kasutada sobivat külmetti. Külmetti täiendava koguse jahutatud toidu lisamisel ei või seda kokku segada eelnevalt letis olnud toiduga, sest nii võib vanem toit liiga kauaks välja jääda.

**Külmutatud toit** puhul tuleb arvesse võtta asjaolu, et mikroobide arvud külmutatud olekus toidus ei suurene. Toiduohutuse tagamiseks peab toit olema aktsepteeritava mikrobioloogilise kvaliteediga juba enne toidu külmutamist. Õigesti läbiviidud külmutamiseelne toidu töötlemine, külmutusprotsess ja külmutatuna säilitamine tagavad toidu kvaliteedi minimaalse alanemise, pidurdavad oluliselt toidu rääsumist ning peatavad täielikult mikroorganismide kasvu. Toit peab jääkristallide moodustumise etapi läbima võimalikult kiiresti ja saavutama kogu ulatuses püsiva temperatuuri, mis on –18 °C või sellest madalam. Teatud osa mikroobide populatsioonist, k.a patogeensetest, säilitab külmutamise ajal eluvõime, mistõttu võib hilisem ebaõige sulatamine põhjustada toidu muutumise inimese tervisele potentsiaalselt ohtlikuks. Toidu külmutamine ei hävita ka patogeensete mikroobide poolt enne toidu külmutamist toidusse toodetud toksiine.

Mikrobioloogiliste ohtude vältimiseks peavad külmutatud **toidu sulatamine** ning sulatamisjärgne kuumutamine toimuma nõuetekohaselt. Mitmeid

külmutatud toite (eelküpsetatud saiakesed ja pirukad, ürdisegud, kalapulgad jms) võib kuumutada kohe, kuid mõned, nt linnurümbad ja suuremad lihatükid tuleb enne kuumtöötlemist täielikult üles sulatada. Kui liha ei ole täielikult sulanud, siis kuumutamise ajal jätkub liha keskosa sulamine ning toidu sisetemperatuur kuumutamisel ei pruugi ole piisav võimalike haigusetekitajate hävimiseks. Sulatamine peab toimuma aeglaselt, et toidumahlad jõuaksid kudedesse tagasi imbuda. Külmutatud toidu sulatamiseks ei sobi selle jätmine toatemperatuurile, sest sulamine toimub sellisel juhul ebaühtlaselt. Näiteks on toidu pealmise kihi temperatuur mikroobide kasvuks soodsas vahemikus, kuid keskelt on toit veel üles sulamata. Sulatamiseks tuleb toit asetada sügavkülmast külmiku jahesektiooni +2 °C kuni +5 °C juurde ning jälgida, et toit oleks piisavalt eraldatud muust toidust, vältimaks ristsaastumist. Toidu sulatamiseks sobib ka sulatamisfunktsiooniga mikrolaineahi, kuid sulatatav toiduportsjon ei tohi olla liiga suur. Väiksemaid toidukoguseid, mis on lekkekindlas ümbrises, võib sulatada ka külmas vees. Sulatatud toit tuleb kohe kuumutada (keetmine, küpsetamine, aurutamine) või ära tarbida (nt marjad). Sulatatud toidu kuumutamisel peab tagama toidu sisetemperatuuri vähemalt +75 °C. Sulanud või sulatatud toitu ei külmutata uuesti.

**Kodusest toidu valmistamisest** põhjustatud toidumürgistuste vältimiseks tuleb järgida toiduohutuse tagamise põhimõtteid, mis on kooskõlas Maailma Terviseorganisatsiooni soovitatud “Toiduohutuse viis võtit” reeglitega.

Toiduohutuse tagamise põhimõtted:

- toidu valmistamiseks tuleb kasutada kvaliteetseid tooraineid ja puhast joogivett;
- mida värskem on toit ning mida väiksem on korraga tarbitav toidu kogus, seda madalam on haigestumise tõenäosus. Seega, eelista värsket toitu ning söö toitu korraga väikeses koguses!;
- süüa ei tohi toite, mille säilimisaeg on lõppenud;
- kodus tuleb toitu säilitada külmkapis +2 kuni +3 °C juures;
- haigustekitajad ei hävi täielikult toidu külmutamisel, mistõttu on oluline külmutatud toit sulatada külmkapis ning seejärel korralikult kuumutada;



- kuumtöötlemata ja valmistoidud ei tohi omavahel kokku puutuda, samuti tuleb tagada toiduga (eriti valmistoiduga) kokku puutuvate pindade puhtus;
- riskirühma kuuluvad inimesed (väikelapsed, eakad, rasedad või alanenud immuunsusega) ei tohi süüa kuumutamata kala- ja lihatooteid, peavad vältima toorpiima joomist ning pastöriseerimata piimast valmistatud piimatooteid;
- loomset päritolu toitu tuleb kuumutada (nt küpsetada, keeta, aurutada) korralikult, kogu toidu ulatuses;
- alati tuleb kinni pidada toidupakendil esitatud toidu valmistamise juhistest ja säilitamise alast infost;
- toidutekkelisi haigusi võivad põhjustada ka tõvestavate mikroobide ja parasiitidega saastunud taimsed toidud, seepärast tuleb puu- ja köögiviljad enne tarbimist hoolikalt voolava kraaniveega puhtaks pesta.

### Kokkuvõte

Tänapäeval on meie kasutuses kõrge usaldusväärsusega analüüsimeetodid ja tarkvaralahendused mille abil on võimalik kindlaks määrata nii toidutekkeliste haiguste põhjused kui ka saastunud toidu liikumisteed.

Toidutekkeliste haiguspuhangute ennetamine sõltub erinevate osapoolte (nt riiklik järelevalve, toidukäitlejad, tarbijad) teadmistest, oskustest ja võimalustest. Uudsete usaldusväärsete meetodite ja süsteemide kasutamata jätmine takistab oluliselt toiduohutuse juhtimise tõhusust, eriti väiksemates riikides. Oluline osa toiduohutuse tagamisel on ka tarbijatel, kes peaksid järgima toiduohutuse tagamise põhitõdesid, eriti „toiduohutuse 5 võtit“.

### Kasutatud kirjandus

- Besser, J., Carleton, H.A., Gerner-Smidt, P., Lindsey, R.L., Trees, E. 2018. Next-generation sequencing technologies and their application to the study and control of bacterial infections. *Clin- Microbiol. Infect.* 24:335–341.
- Besser, J.M., Carleton, H.A., Trees, E., Stroika, S.G., Hise, K., Wise, M., Gerner-Smidt, P. 2019. Interpretation of whole-genome sequencing for enteric disease surveillance and outbreak investigation. *Food-borne Pathog. Dis.* 16(7):1–9.

EFSA ja ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Control and Prevention). 2018. Multi-country outbreak of *Listeria monocytogenes* serogroup IVb, multi-locus sequence type 6, infections linked to frozen corn and possibly to other frozen vegetables – first update. EFSA Supporting publication 2018: EN-1448, 1–22.

EFSA, European Food Safety Authority. 2019. The European Union one health 2018 zoonoses report. *EFSA Journal*, 17(12):05926.

Jackson, B.R., Tarr, C., Strain, E., Jackson, K.A., Conrad, A., Carleton, H., Katz, L.S., Stroika, S., Gould, L.H., Mody, R.K., Silk, B.J., Beal, J., Chen, Y., Timme, R., Doyle, M., Fields, A., Wise, M., Tillman, G., Defibaugh-Chavez, S., Kucerova, Z., Sabol, A., Roache, K., Trees, E., Simmons, M., Wasilenko, J., Kubota, K., Pouseele, H., Klimke, W., Besser, J., Brown, E., Allard, M., Gerner-Smidt, P. 2016. Implementation of nationwide real-time whole-genome sequencing to enhance Listeriosis outbreak detection and investigation. *Clin. Infect. Dis.* 63:380–386.

Laikoja, K., Roasto, M. 2020. Toidu säilimisaja määramine, III osa. Toidu säilitamisnõuded toidugruppide kaupa. Eesti Maaülikooli toiduhügieeni ja rahvatervise õppetool. 16 lk.

Maaeluministerium. 2019. Zoonoos ja toidutekkeline nakkushaiguspuhang <https://www.agri.ee/sites/default/files/content/valjaanded/fak-tileht-2019-zoonoosid.pdf> (allikat kasutatud: 17.01.2021)

Moura, A., Tourdjman, M., Leclercq, A., Hamelin, E., Laurent, E., Fredrikson, N., Van Cauteren, D., Bracq-Dieye, H., Thouvenot, P., Vales, G., Tessaud-Rita, N., Maury, M.M., Alexandru, A., Criscuolo, A., Quevillon, E., Donguy, M.P., Enouf, V., de Valk, H., Brisse, S., Lecuit, M. 2017. Real-time wholegenome sequencing for surveillance of *Listeria monocytogenes*, France. *Emerg. Infect. Dis.* 23:1462–1470.

Terviseamet. 2020. Nakkushaigustesse haigestumine. Salmonellooside ja kampülobakterenteriidi esinemine Eestis alates 2006. aastast.

[https://www.terviseamet.ee/et/nakkushaigused-menuu/tervishoiu-tootajale/nakkushaigustesse-haigestumine#Nakkushaigused%20ja%20immunoprof%C3%BClaktika%20Eestis%20\(%C3%BCle-vaade\)%20alates%202003.%20aastast](https://www.terviseamet.ee/et/nakkushaigused-menuu/tervishoiu-tootajale/nakkushaigustesse-haigestumine#Nakkushaigused%20ja%20immunoprof%C3%BClaktika%20Eestis%20(%C3%BCle-vaade)%20alates%202003.%20aastast) (allikat kasutatud: 01.01.2021)

WHO, World Health Organization. 2021. Food Safety. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/food-safety> (allikat kasutatud: 01.01.2021)

### ***Foodborne outbreaks, their causes and prevention***

Mati Roasto, Katrin Laikoja, Mihkel Mäesaar

*This article provides an overview of the major animal-to-human derived diseases, related zoonotic agents and food-borne outbreaks in the European Union (EU). Also, methods of detection and investigation of foodborne outbreaks are introduced and prevention of foodborne outbreaks is described. Among zoonotic agents, the main reason for food-borne outbreaks is Salmonella, but noroviruses are also often reported as the cause of food-borne outbreaks in the EU. Food-borne outbreaks are mainly caused by food of animal origin, especially eggs and egg products, followed by meat and meat products, fish and fish products, compound foods and milk and milk products. Of the outbreaks with strong evidence, ~30% are due to contamination of food of plant origin. Whole-genome sequencing (WGS) can be used to identify the path of disease transmission within a population and provide information on the probable source of food-borne outbreaks. A large proportion of food-borne outbreaks are caused by mistakes at catering and home kitchen level. In order to prevent food-borne outbreaks correct food storage conditions must be known and followed. The prevention of cross-contamination of food and the proven effectiveness of self-monitoring systems must also be ensured.*

## **Toidupatogeenide tuvastamine toidutootmise ja -töötlemise ahelas kasutades molekulaarseid analüüsimeetodeid**

Mihkel Mäesaar\*, Mati Roasto

EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, toiduhügieeni ja rahvatervise õppetool

\*mihkel.maesaar@emu.ee

### **Sissejuhatus**

Käesolev artikkel annab ülevaate molekulaarsetest analüüsimeetoditest, mis võimaldavad kindlaks määrata toidupatogeenide allikad, vektoreid ning ettevõtte-spetsiifilist kontaminatsiooni ehk ettevõttele ainuomaste patogeennitüvede olemasolu.

Saastunud toiduga levivad kergesti haigustekitajad ning nende poolt põhjustatud haigused, kahjustades inimese tervist ning põhjustades suurt majanduslikku kahju, mistõttu on toidutekkeliste haiguste näol tegemist ülemaailmse rahvatervise probleemiga (Martinović jt., 2016). Maailma Terviseorganisatsiooni (World Health Organization, WHO) andmetel haigestub igal aastal saastunud toidu tarbimise tagajärjel 600 miljonit inimest ehk iga kümnes inimene maailmas ning sureb 420 000 inimest, mistõttu kaotatakse 33 miljonit tervena elatud eluaastat (WHO, 2020). Majandusteadlaste hinnangul on toidutekkelistest haigustest tingitud arstiabi ja inimeste töövõime kao rahaline maksumus Ameerika Ühendriikides üle 15 miljardi dollari aastas (Hoffman jt., 2015). Täiendavalt tekivad suured rahalised kahjud toiduainetööstussektoris, mis peab tagama ohtlikuks tunnistatud toidupartiide jaekaubandusest tagasikutsumise ning hävitamise. Siiski on hädavajalik, et toidutootjad koostöös riiklike institutsioonidega kõrvaldaksid saastunud toidud jaotusvõrgust nii kiiresti kui võimalik, vähendamaks toidust tingitud haigustega kaasnevaid rahalisi kulusid ning kaitsta rahvatervist (Pightling jt., 2018).

### Molekulaarsed meetodid ja nende kasutamise võimalused

Täisgenoomse sekveneerimise (*whole genome sequencing*, WGS) laialdane kasutusele võtmine toiduohutuses on olnud revolutsiooniline. Võrreldes klassikaliste meetoditega võimaldab WGS toidupatogeenide kõrgema eraldusvõimega tüpiseerimist (Pightling jt., 2018). Täisgenoomset sekveneerimist kasutatakse sageli ka esmase haiguspuhangu tuvastamise vahendina. Suure eristusvõime ja täpsuse tõttu on võimalik WGS'i kasutades kindlaks teha patsiendilt eraldatud ning saastunud toidust leitud patogeenide vahelisi geneetilisi seoseid või seoste puudumist ja tuvastada haiguspuhangute esinemisele viitavate sarnastest isolaatidest moodustuvate klasterite olemasolu (Besser jt., 2018; 2019).

Tänapäevaste molekulaarsete analüüsimeetoditega on võimalik hinnata erinevatest toidutootmise ahela etappidest (nt algtootmine, töötlemine, toitlustamine) pärinevate patogeenide ja nende tüvede geneetilist sarnasust. Seeläbi on võimalik tuvastada kontaminatsiooni algallikad, levikuteed, ettevõtte spetsiifilisus ehk läbi aastate püsivalt ettevõttest isoleeritud geneetiliselt väga sarnased patogeenide tüved. Molekulaarsed analüüsid võimaldavad tuvastada toidupatogeenide spetsiifilisi bioloogilisi omadusi, näiteks geene mis mõjutavad erinevate tüvede virulentsust, patogeensust, tundlikkust antimikroobsete ainete või resistentsust desinfektantide suhtes (Müller jt., 2013).

„Üks-tervis“ („*OneHealth*“) põhimõtet järgides on täisgenoomset sekveneerimist toidupatogeenide uuringutes edukalt kasutatud. Toidutootmise, -töötlemise ja -tarbimise ahelat hõlmavad eesmärgistatud ning järjepidevad uuringud on olulised ja kasulikud vältimaks geneetiliselt ainulaadsete patogeenide alampopulatsioonide edasikandumist farmidest või teistest reservuaaridest järgmistesse toidutootmise ahela lülidesse ning jõudmist läbi saastunud toidu inimeseni. Toidu-, (tootmis)keskkonna- ja/või kliiniliste proovide laboratoorsete molekulaaranalüüsides saab tuvastada geneetiliselt lähedaste või sarnaste patogeenide olemasolu ahela erinevates lülides. Farmid ja toidutööstused varustavad erinevaid kliente, mistõttu jõuavad identsed bakterid toidukäitlemise ettevõtetesse ning jaotusvõrkudesse. Viimasest tingituna on oluline, et saasteallikad ning patogeenide levikuteed tehakse kindlaks võimalikult kiiresti, mis eeldab tõhusa toiduohutuse süsteemi olemasolu nii ettevõtte kui riiklikul tasandil. Ohu tuvastamisele peab järgnema

korrigeerivate tegevuste viivitamatu rakendamine, et hävitada mikrobioloogilise saasteallikad ning saaste edasine levik. Korrigeerivate tegevuste alla kuulub ka saastunud toidupartiide jaekaubandusvõrgust kõrvaldamine ja tagasikutsumine. Viimane on ametlik nõue, sest Euroopa Parlamendi ja Euroopa Nõukogu määrus 178/2002 artikkel sätestab, et kui toidukäitlejal on alust arvata, et tema poolt valmistatud või turustatud toit ei vasta toiduohutusnõuetele, peab ta tagama ohtliku toidu/toote kõrvaldamise turult. Kui ohtlik toit on jõudnud juba tarbijani, siis teda adekvaatselt teavitama ning võtma kasutusele kõiki rahva tervisekaitse tagamise meetmeid.

### Multilookus järjestuse tüpiseerimine

Üks esimesi ja kõige laialdasemat kasutust leidnud bakteriaalsete patogeenide tüpiseerimise meetod on multilookus järjestuse tüpiseerimine (*multilocus sequence typing*, MLST) (Maiden jt., 1998). Nimetatud meetod võimaldab suhteliselt lühikese ajaga kindlaks teha erinevatest allikatest pärit bakterite genotüübilist kuuluvust. Patogeenipõhist MLST protokolliga ja kindlaid reegleid järgides määratakse igale isolaadile vastav sekveneerimistüüp (*sequence type*, ST), mida väljendatakse numbriliselt (näiteks *L. monocytogenes* ST-8). Kuulumine samasse sekveneerimistüüpi on sageli esimeseks indikatsiooniks erinevatest toidutootmise etappidest pärit ning haigestunud inimeselt isoleeritud patogeenide bakterite võimalikust geneetilisest sarnasusest. MLST meetodist on aja jooksul saanud „kuldstandard“, kuid selle üheks puuduseks on ebapiisav lahutusvõime, kuna isolaatide/tüvede sarnasuse hindamiseks kasutatakse väga väikest osa genoomist. Bakteriiliigi erinevate tüvede samasse ST'i määramine ei võrdu automaatselt, et tegemist on geneetiliselt seotud ja haigust põhjustava tüvega. Viimane kehtib muidugi juhul kui tegemist ei ole maailmas ainulaadse genotüübiga nagu seda oli Eesti tootmisettevõttega seotud ja mitmes riigis toidutekkelisi listerioosi puhanguid põhjustanud *L. monocytogenes* ST-1247 (ECDC ja EFSA, 2019; Mäesaar ja Roasto, 2020).

### Põhigenoomne ja täisgenoomne multilookus järjestuse tüpiseerimine

Konventsionaalse/klassikalise MLST madalast eristusvõimest, mille korral kasutatakse ST määramiseks vaid 7 lookust, tulenevalt on täiendavalt kasu-

tusel MLST edasiarendused. Põhigenoomne (*core genome MLST*, cgMLST) ja täisgenoomne (*whole genome MLST*, wgMLST) MLST, millest esimese, korral kasutatakse *L. monocytogenes* isolaatide võrdlemiseks 1 748 lookust (Moura jt., 2017) ning teise, wgMLST, kasutamisel võrreldakse kõiki isolaatide vahel jagatud geene, mis *L. monocytogenes* korral tähendab, et maksimaalselt võrreldakse ligikaudu 3 000 lookust. Võrdlusaluste lookuste oluliselt suurem arv võimaldab suurema eristusvõimega tuvastada patogeensete isolaatide samasust/geneetilist sarnasust.

Eesti tootmisettevõttest pärineva ja juba 2013. aastal vaakumpakendatud viilutatud soolalõhe tootest Eesti Maaülikooli toiduhügieeni ja rahvatervise õppetooli laboratooriumis isoleeritud ning erinevates riikides toidutekkelisi haiguspuhanguid põhjustanud *L. monocytogenes* ST-1247 isolaati võrreldi Haiguste Ennetamise ja Tõrje Euroopa Keskuse (*European Centre for Disease Prevention and Control*, ECDC) ja Euroopa Toiduohutusameti, (*European Food Safety Authority*, EFSA) poolt avaldatud puhangu referentstüvega. Põhigenoomne MLST analüüs näitas, et 1748 lookusest olid mõlemas isolaadis olemas 1744, kõikidest jagatud lookustest tuvastati vaid kolmel juhul alleelsed erinevused. Täisgenoomse MLST analüüsiga võrreldud 2783 geenist jagasid isolaadid 2770, millest vaid viiel tuvastati alleelne erinevus. Nimetatud isolaadid olid jagatud geenide osas nii põhigenoomse kui ka täisgenoomse MLST analüüsi alusel 99,8% ulatuses sarnased. Klassikalise MLST edasiarendused nagu näiteks cg/wgMLST analüüsid võimaldavad saavutada väga suurt eristusvõimet, mis omakorda aitab hinnata geneetilist mitmekesisust sekveneerimistüübi siseselt ning kiiresti identifitseerida potentsiaalseid haiguspuhangu klastreid.

### **Tööstusest isoleeritud patogeensete geneetilise profiili koostamine**

Samamoodi nagu on põhi- ja täisgenoomse MLST analüüsides abil võimalik leida haiguspuhangu klasterid, saab nimetatud meetodeid kasutada ka tööstuse siseste bakteriaalsete patogeensete ja nende potentsiaalsete reservuaaride kindlaks tegemiseks ning edasikandumisteede kaardistamiseks (Jagadeesan jt., 2019a). Kuna toidutootmine on üldjuhul jagatud erinevateks etappideks, on üheks võimalikuks lähenemiseks igas etapis tuvastatud patogeensete kohta geneetilise profiili koostamine ning seeläbi patogeensete

edasikandumisteede jälgimine ja saastumise põhjuste ehk algallika jälgimine. Samuti võimaldab nimetatud lähenemine kindlaks teha, kas tegemist on püsivalt tööstuses leiduva (ettevõtte-spetsiifilise) või tööstusesse sisse toodud (näiteks toorainega) uue patogeeni tüvega.

Geneetilise profiili koostamise eelduseks on probleemsete etappide kaardistamine ja eesmärgile orienteeritud proovivõtuplaani koostamine, nõudes selle süsteemset ja korrapärast kindlaks määratud ajalise intervalliga/tingimustel elluviimist. Varasemalt oli antud süsteemse monitooringu rakendamise üheks oluliseks puuduseks, takistades selle laialdasemat kasutusele võtmist, kulu-tulu analüüsist lähtuv oluline kallutatus kulu poole. Kuid täisgenoomse sekveneerimise hindade järjepidev langus ning tehnoloogiate areng on muutnud patogeensete geneetilise profileerimise lähenemise toidutööstuses kuludest oluliselt tulusamaks, leides seeläbi järjest enam rutiinset rakendust tööstustes (Jagadeesan jt., 2019b).

Eesti Maaülikoolis toiduhügieeni ja rahvatervise õppetoolis säilitatud isolaadi retrospektiivne analüüs, mille raames võrreldi õppetoolis isoleeritud tüve puhangu referentstüvega, kinnitas tüve esinemist ettevõtte toodangus juba 2013. aasta alguses (Mäesaar ja Roasto, 2020). Isolaatide täisgenoomse võrdluse tulemusena selgus, et *L. monocytogenes* ST-1247 esines ettevõtte toodangus juba 2013. aasta jaanuaris (Mäesaar ja Roasto, 2020), mis on oluliselt varem kui seni avaldatud 2014. aasta juuli (ECDC ja EFSA, 2019).

### **Spetsiifiliste geenide seire**

Klassikaline mikrobioloogia on väga tihedalt seotud WGS'i kasutamisega, sest patogeensete täisgenoomse sekveneerimise teostamise oluliseks eelduseks on puhta ehk ühte patogeeni sisaldava bakterikultuuri olemasolu. Viimane kehtib muidugi juhul kui ei kasutata tervet bakteri populatsiooni hõlmavat profileerimist (16S rRNA) või mõnda muud kultuurist sõltumatut lähenemisviisi.

Täisgenoomne sekveneerimine, nagu ka nimi ütleb, hõlmab kogu bakteriaralse patogeeni genoomi sekveneerimist, seega saab WGS lähenemist rakendades kordades rohkem informatsiooni kui klassikalist mikrobioloogiat kasutades. Kas ja kuidas seda informatsiooni kasutada? Kindel on, et ainult WGS teostamine ei anna tulu toidutööstuse kontekstis. Täiendavalt



on olulisel kohal sekveneerimisandmete järjepidev bioinformaatiline töötlus ning analüüs koos teadmise ja kuidas leitud ettevõttes toiduohutuse paremaks tagamiseks rakendada.

Isolaatide vaheliste seoste ja potentsiaalsete edasikandumisteede kaardistamise kõrval on oluliseks infoallikaks ka spetsiifiliste bakteri patogeensus, inimese tervist ja/või tööstuses kasutatavaid protseduure mõjutavate geenide seire. Nendeks võivad olla antibiootikumi resistentsus, virulentsus, patogeensus ja/või teised geenid, mis mõjutavad patogeensusi resistentsust erinevatele desinfektantidele. Täisgenoomset sekveneerimist kasutades on selline informatsioon sõltuvalt seire ülesehitusest, kas retrospektiivselt või reaalsajas analüüsiv. Viimati mainitud võimaldab kiiret, asjakohast ja teaduslikule lähenemisele tuginevat korrigeerivate meetmete rakendamist vältimaks täiendavalt tekkida võivaid kulusid ja/või ohtu inimese tervisele.

Meie teostatud WGS analüüsist selgus, et 2013. aastal isoleeritud *L. monocytogenes* ST-1247 tüvel oli antibiootikumi resistentsusega ning isolaadi virulentsust mõjutavaid sh. invasiivsusega seotud gene. Täiendavalt oli genoomis olemas ka viiest geenist koosnev nn. stressi-saar (*stress island I*, SSI-1), mida on varasemalt leitud ka teistest tööstusspetsiifilistest *L. monocytogenes* tüvedest (Harrand jt., 2020). SSI-1 gene omavatel tüvedel on eelis kasvaks suboptimaalsete keskkonnatingimuste esinemisel ning potentsiaal kujuneda läbi kasvuni eelise tööstuse püsimikrobiota osaks (Ryan jt., 2010).

### Ajaliste seoste kindlaks tegemine

Täisgenoomse sekveneerimise regulaarne ning ajas järjepidev rakendamine võimaldab bioinformaatilisi algoritme kasutades leida ettevõttes isoleeritud patogeense mikrobiota esindajate ühiste eellaste ajalisi seoseid (Didelot jt., 2018). Sellise lähenemise tulemusena on võimalik leida ajaperiood, mil nimetatud patogeensus ettevõttesse jõudis. Samuti jälgida patogeensusi ajalisi liikumisi erinevates tootmisetappides. Sisendandmete ehk sekveneeritud isolaatide arvust ja analüüsides regulaarsusest sõltub sellise ajalise punkti määramise täpsus. Seega on olulisel kohal isolaatide süsteemse sekveneerimine ning saadud andmete järjepidev ja pikaajaline kogunemine ning analüüsimine. Leitud ajalise seosest lähtudes on võimalik tootmisetevõtte dokumentatsiooni kaudu leida seoseid, millest võib olla tingitud patogeensusi bakteritüve jõudmine toidutootmisse ning eluvõime säilimisega tootmis-

keskkonnas (näiteks tooraine tarnija vahetus, muudatused protseduurides, uute seadmete kasutusele võtmine jne). Patogeensusi ajaline levik erinevates tootmisetappides aitab täpsustada ja täiendada protseduure hoidmaks ära suuremahulist partiide saastumist ning nende jõudmist lõpptarbijani.

Kuna meie uuringus oli lisaks Eesti Maaülikoolis isoleeritud tüvele avalikult saadaval ainult üks ECDC ja EFSA poolt avaldatud *L. monocytogenes* ST-1247 haiguspuhangu referentsgenoom, siis eelmises lõigus kirjeldatud ajaliste seoste uuringut ei olnud võimalik teostada vajaliku valimi puudumise tõttu.

### Kokkuvõte

Uued molekulaarsed analüüsimeetodid võimaldavad juba varases kontaminatsiooni staadiumis hinnata isoleeritud toidupatogeensusi tüvede geneetilisi omadusi, mis omakorda võimaldab kindlaks teha saaste võimalikud põhjused, levikuteed tootmisetevõttes, seeläbi koheselt rakendada korrigeerivaid meetmeid. Molekulaarsete meetodite ja eelkõige täisgenoomse sekveneerimise lisamine rutiinsesse toidutootmise ettevõtte enesekontrolli programmi võimaldab pakkuda tarbijatele ohutumat toitu, kiiret reageeringut kontaminatsiooni tuvastamise ja/või saastunud toiduga levimise ohu korral ning seeläbi hoida ettevõtte mainet ennetades juba eos tekkida võivaid probleeme.

### Kasutatud kirjandus

- Besser, J., Carleton, H.A., Gerner-Smidt, P., Lindsey, R.L., Trees, E. 2018. Next-generation sequencing technologies and their application to the study and control of bacterial infections. *Clin. Microbiol. Infect.* 24:335–341.
- Besser, J.M., Carleton, H.A., Trees, E., Stroika, S.G., Hise, K., Wise, M., Gerner-Smidt, P. 2019. Interpretation of whole-genome sequencing for enteric disease surveillance and outbreak investigation. *Foodborne Pathog. Dis.* 16(7):1–9.
- Didelot, X., Croucher, N.J., Bentley, S.D., Harris, S.R. Wilson, D.J. 2018. Bayesian inference of ancestral dates on bacterial phylogenetic trees. *Nucleic Acids Res.* 46(22):e134.

- European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC), European Food Safety Authority (EFSA). 2019. Multi-country outbreak of *Listeria monocytogenes* clonal complex 8 infections linked to consumption of cold-smoked fish products. *EFSA Supporting Publications*, 16: EN-1665.
- Harrand, A.S., Jagadeesan, B., Baert, L., Wiedmann, M., Orsi, R.H. 2020. Evolution of *Listeria monocytogenes* in a food processing plant involves limited single-nucleotide substitutions but considerable diversification by gain and loss of prophages. *Appl. Environ. Microbiol.* 86(6):e02493-19.
- Hoffman, S., Macculloch, B., Batz, M. 2015. Economic Burden of Major Foodborne Illnesses Acquired in the United States [Online]. United States Department of Agriculture. <https://www.ers.usda.gov/publications/pub-details/?pubid=43987> (allikat kasutatud: 13.01.2021)
- Jagadeesan, B., Baert, L., Wiedmann, M., Orsi, R.H. 2019a. Comparative analysis of tools and approaches for source tracking *Listeria monocytogenes* in a food facility using whole-genome sequence data. *Front. Microbiol.* 10:947.
- Jagadeesan, B., Gerner-Smidt, P., Allard, M.W., Leuillet, S., Winkler, A., Xiao, Y., Chaffron, S., Van Der Vossen, J., Tang, S., Katase, M., McClure, P., Kimura, B., Ching Chai, L., Chapman, J., Grant, K. 2019b. The use of next generation sequencing for improving food safety: Translation into practice. *Food Microbiol.* 79:96–115.
- Maiden, M.C., Bygraves, J.A., Feil, E., Morelli, G., Russell, J.E., Urwin, R., Zhang, Q., Zhou, J., Zurth, K., Caugant, D.A., Feavers, I.M., Achtman, M., Spratt, B.G. 1998. Multilocus sequence typing: a portable approach to the identification of clones within populations of pathogenic microorganisms. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 95(6):3140–3145.
- Martinović, T., Andjeković, U., Gajdošik, M.Š., Rešetar, D., Josić, D. 2016. Foodborne pathogens and their toxins. *J. Proteomics.* 147:226–235.
- Moura, A., Tourdjman, M., Leclercq, A., Hamelin, E., Laurent, E., Fredrikssen, N., Van Cauteren, D., Bracq-Dieye, H., Thouvenot, P., Vales, G., Tessaud-Rita, N., Maury, M.M., Alexandru, A., Criscuolo, A., Quevil-  
lon, E., Donguy, M.P., Enouf, V., de Valk, H., Brisse, S., Lecuit, M. 2017. Real-Time whole-genome sequencing for surveillance of *Listeria monocytogenes*, France. *Emerg. Infect. Dis.* 23(9):1462–1470.
- Mäesaar, M., Roasto, M. 2020. Draft Genome Sequence of a Multicountry Outbreak-Related *Listeria monocytogenes* Sequence Type 1247 Strain, VLTRLM2013. *Microbiol. Resour. Announc.* 9(32): e00698-20.
- Müller, A., Rychli, K., Muhterem-Uyar, M., Zaiser, A., Stessl, B., Guinane, C.M., Cotter, P.D., Wagner, M., Schmitz-Esser, S. 2013. Tn6188 – A novel transposon in *Listeria monocytogenes* responsible for tolerance to benzalkonium chloride. *PLoS ONE*, 8(10): e76835.
- Pightling, A.W., Pettengill, J.B., Luo, Y., Baugher, J.D., Rand, H., Strain, E. 2018. Interpreting whole-genome sequence analyses of foodborne bacteria for regulatory applications and outbreak investigations. *Front. Microbiol.* 9:1482, 1–13.
- Ryan, S., Begley, M., Hill, C., Gahan, C.G.M. 2010. A five-gene stress survival islet (SSI-1) that contributes to the growth of *Listeria monocytogenes* in suboptimal conditions. *J. Appl. Microbiol.* 109(3):984–995.
- WHO, World Health Organization. 2020. Food Safety. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/food-safety> (allikat kasutatud: 13.01.2021)



### *The use of molecular methods in bacterial pathogen detection in the food production chain and at the food processing plant*

Mihkel Mäesaar, Mati Roasto

*This article provides an overview of molecular methods used in bacterial pathogen (*Listeria monocytogenes*) detection in the food production chain and at food processing plant focusing on the possibilities of the use of whole genome sequencing (WGS) data. In recent years an increasing number of food industries have adopted WGS analysis for bacterial pathogens monitoring as a part of self-control programmes. Therefore, acknowledging the benefits offered by the use of next generation sequencing technologies. WGS data can be used to identify the causes of contamination at early stages, assess genetic similarities (using multilocus sequence typing (MLST), core genome MLST, whole genome MLST) and the properties of pathogenic isolates (resistance, virulence and other genes related to pathogenicity, stress tolerance, disinfectant resistance) and trace potential sources and contamination routes within the food production chain and at different stages of food processing. The use of molecular methods, especially WGS allows monitoring and prompt responses to even the slightest deviations in food safety and/or quality of the food products, therefore helping to avoid additional financial costs and reputational damage to the food processing company.*

## Toidu märgistamise valdkonna uued algatused

Anneli Tuvike

Maaeluministeerium, toiduohutuse osakond

[anneli.tuvike@agri.ee](mailto:anneli.tuvike@agri.ee)

Euroopa Komisjoni 20.05.2020. avaldatud strateegiaga “Talust Taldrikule” soovitakse muuta toidusüsteemi kestlikumaks ning selle üheks prioriteediks on tervisliku toidukeskkonna loomine, kus on lihtsam teha tervislikkusest ja kestlikkusest lähtuvaid valikuid.

Kestlikule toidusüsteemile üleminekul on oluline roll kõigil toiduahela osalistel – tootjatest kuni tarbijateni. On selge, et üleminek kestlikule toidusüsteemile ei toimu ilma inimeste **toitumisharjumuste muutumiseta**. Toiduga seotud arengud on kohati vastuolulised. Samal ajal kui 20% toodetavast toidust raisatakse, elab Eestis 300 000 inimest absoluutses või suhtelises vaesuses ning sealjuures suureneb ülemäärase kehakaaluga inimeste arv. Üle poole Euroopa Liidu täiskasvanud elanikkonnast on liigse kehakaaluga, põhjustades toitumisega seotud haiguste esinemise kasvu ja suurendades tervishoiukulusid.

Pakendi märgistus aitab teha tarbijal häid valikuid, andes teavet toidu koostise, säilivuse, päritolu ja toitumisalase teabe kohta. Toitumisalast teavet väljendatakse toidu energiasisalduse ja olulisemate toitainete (nt rasvad, küllastunud rasvhapped, süsivesikud, valgud, vitamiinid, mineraalained) sisalduse kaudu. Seega toidupakendi märgistust saab kasutada kui üht vahendit inimeste toitumisharjumuste suunamisel.

Tervist toetavate tarbimisharjumuste edendamiseks nähaksegi Euroopa Komisjoni strateegias ette mitmeid algatusi, millest üks laialdasemat kõlapinda leidnud teema on **Euroopa Liidu ülese kohustusliku toidu pakendi esikülje toitumisalase teabe märgisüsteemi** (inglisekeelne lühend, FOP) loomine. FOP-märgisüsteem tähendab, et toidupakendil olevat toitumisalast teavet korraldatakse tarbijale arusaadaval viisil, näiteks graafiliselt või sümbol-

litena, enamasti ka värve kasutades, et toidu ostmisel oleks kergem olulist teavet pilguga haarata. Sellised märgisüsteemid ei ole mõeldud liigitamaks toite headeks või halbadeks, vaid viitavad tarbimise soovituslikele eelistustele. Selle mõistmiseks on aga eriti olulisel kohal süsteemi juurutamisega kaasnevad tarbijateavituskampaaniad.

Liikmesriikides on hetkel kasutusel mitmed erinevad riigisisesed FOP-märgisüsteemid. Kasutatakse toitainepõhiseid süsteeme, millega antakse teavet konkreetsete toitainete kohta. Levinud on ka summaarsed süsteemid, millega antakse pigem kokkuvõtlik hinnang toote üldise toitainelise koostise kohta. Toitainepõhise kategooria võib jagada arvvaartusi sisaldavaks (patarei-süsteem) ja värvidega (valgusfoor) alamkategooriateks. Summaarsete süsteemide hulgas on positiivsete näitajatega (tunnustavad logod) süsteeme, mida saab kasutada üksnes kindlatele toitumisalastele kriteeriumidele vastava toidu puhul (lukuauk, südamemärk). Summaarseid süsteeme on ka hinnanguliste näitajatega, millega antakse üldist ja hinnangulist teavet toidu toitainelise koostise kohta ning mida saab kasutada kõigi toitade puhul (inglise keeles *nutri-score*).

Euroopa Liidu riikides enim kasutatud *nutri-score* märgisel kasutatakse viie värvi skaalat, alates tumerohelisest, mis tähendab parima toitainelise koostisega toitu, kuni punaseni, mis tähistab madalama toitainelise koostisega toitu, tähistades need tähtedega A-st E-ni. Kuna *nutri-score* märgistusel on toitainete sisaldused 100 g või 100 ml kohta, siis saab võrrelda erinevaid küpsiseid, jogurteid või limonaade. Näiteks liigsed energia, küllastunud rasvhapete, suhkru ja soola sisaldused annavad negatiivseid punkte, kuid selliste näitajate nagu valkude, kiudainete, kaunviljade, pähklite, oliivõli ning puu- ja köögivilja kogused annavad positiivseid punkte, mis liidetakse kõik kokku ja saadakse kokkuvõtlik hinnanguline väärtus toote üldise toitainelise koostise kohta. *Nutri-score* süsteem on kasutusel näiteks Prantsusmaal, Belgias, Saksamaal, Hispaanias, Hollandis. Lukuaugu-süsteem on kasutusel Rootsis, Norras, Taanis, Islandil ja Leedus, valgusfoori süsteem aga Suurbritannias. Soomes on kasutusel südamemärk ning Poolas ja Tšehhis märk „*Sinine linnuke*“.

Euroopa Liidu ülese FOP-märgisüsteemi loomise üle arutelud juba käivad. Liikmesriigid on jõudnud ühistele seisukohtadele selles osas, et süsteem peab olema teaduspõhine ning ei tohi olla tarbijat eksitav seoses toidu toi-

teväärtuse ja mõjuga tervisele. Lisaks, see peab olema kooskõlas üldiste toitumissoovitustega ning võtma arvesse ka riiklike spetsiifika. FOP-märgisüsteem peab olema loodud erinevate osapooltega konsulteerides ning tehniliselt teostatav ja kontrollitav, olles kergesti nähtav ja mõistetav kõigile tarbijagruppidele. Eriti oluline on uue süsteemi juurutamisega kaasnev laialdane teavitustöö, et see oleks kokkuvõttes tarbijale tõepoolest arusaadav ning mõjutaks tegema tervist toetavaid valikuid.

Koos strateegiaga avaldati ka Euroopa Komisjoni raport toitumisalase teabe täiendavate esitusviiside kohta, mis põhineb peamiselt kirjalike materjalide ülevaadetel ning aruteludel riiklike pädevate asutuste ja sidusrühmadega. Raporti põhijärelduste hulgas on tõdemus, et FOP-märgisüsteemid aitavad tarbijal teha tervist toetavaid valikuid. Varasemad uuringud näitavad, et paremini saadakse aru, kui märgiga antakse summaarne hinnang toidu kogu toitainelise koostise kohta värvide abil. Mitmete erinevate FOP süsteemide samaaegne kasutamine EL-i siseturul võib lõpptulemusena tähendada kulusid tootjatele ning ka tarbijate segadust ja usalduse puudumist.

2021. aasta jooksul hindab Euroopa Komisjon EL-i ülese FOP-märgisüsteemi juurutamisega kaasnevaid mõjusid kaasates seotud huvipooled. Mõjuhinnangu tulemusena saavad liikmesriigid jätkata täpsemaid arutelusid, kas loodav süsteem peaks olema hinnanguline toidu kogu toitainelise koostise või üksnes teatud toitainete kohta, kas värvide kasutamine lihtsustaks tarbijal teha tervist toetavaid valikuid, kas toidupakenditel märgisüsteemi kasutamine käitlejate poolt peaks olema Euroopa Liidu üleselt kohustuslik või vabatahtlik.

Seega näeme, et liikmesriigid on seniste arutelude põhjal jõudnud põhimõttelisele kokkuleppele, et ühtne Euroopa Liidu FOP-märgisüsteem võiks kaasa aidata strateegia „Talust taldrikule“ eesmärkide saavutamisele - tervist toetava toidukeskkonna loomisele. Kuid raskemad diskussioonid loodava süsteemi üksikasjade üle on alles ees.

Tervist toetava toidukeskkonna loomisel pööratakse ühtse märgisüsteemi kõrval suurt tähelepanu ka toidu koostise muutmisele tervist toetavamaks. See tähendab toidu koostise järkjärgulist muutmist ehk soola, suhkrute ja küllastunud rasvhapete vähendamist toidus. Sellele võib oluliselt kaasa aidata ka FOP-märgisüsteem, kui see saab tulevikus tarbijale ostuotsuste tegemisel määravaks.

Euroopa Komisjoni strateegias nähakse ette küllastunud rasvhapete, suhkru ja soola piirmäärade kehtestamist, mille ületamisel oleks toitumis- ja tervisealased väited piiratud või keelatud. Algatuse eesmärk on vältida olukorda, kus toitumis- ja tervisealaste väidete kasutamine varjaks toidu üldist toiteväärtust, mis võib tarbijaid tervislike valikute tegemisel eksitada. Näiteks ei saa kõrge soola- ja rasvasisaldusega toidu puhul viidata kasulikele kiudainetele, sest toit tervikuna kuulub sellisesse toidugruppi, mille tarbimist peaks pigem vältima.

Need on mõned võimalused toitumist mõjutava elukeskkonna muutmiseks ning on lähiaastatel kaalumisel Euroopa Liidu üleselt. Strateegia näeb ette, et õigusakti muudatusettepanekud nii FOP-märgisüsteemi kui toitumis- ja tervisealaste väidete piiramise kohta tehakse 2022. aasta lõpus.

### Kasutatud kirjandus

Komisjoni teatis Euroopa Parlamendile, Nõukogule, Euroopa Majandus- ja sotsiaalkomiteele ning regioonide komiteele. Strateegia „Talust talurikule“ õiglase, tervisliku ja keskkonnahoidliku toidusüsteemi edendamiseks, Brüssel, 20.5.2020 COM(2020) 381 final. <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=CELEX:52020DC0381>

Komisjoni aruanne Euroopa Parlamendi ja Nõukogule, milles käsitletakse toitumisalase teabe täiendavate väljendus- ja esitusviiside kasutamist. Brüssel, 20.5.2020. COM(2020) 207 final. [https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/safety/docs/labelling-nutrition\\_fop-report-2020-207\\_et.pdf](https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/safety/docs/labelling-nutrition_fop-report-2020-207_et.pdf)

Statistikaamet. <https://www.stat.ee/et/uudised/suhteline-vaesus-2019>

### *New initiatives in the field of food labelling*

*Anneli Tuvike*

*The European Commission adopted the strategy “Farm to Fork” for a fair, healthy and environmentally-friendly food system on 20<sup>th</sup> May 2020. This strategy aims to reduce the environmental and climatic footprint of the EU food system and facilitate a shift to healthy and sustainable diets. European diets are not in line with dietary recommendations, and over half of the adult population are overweight. This contributes to the high prevalence of diet-related diseases and related healthcare costs. The Strategy announces that the Commission will consider existing national experience and compile a proposal for a science-based front-of-pack nutrition labelling scheme to facilitate a healthier and sustainable diet. The objective of establishing harmonised mandatory front-of-pack nutrition labelling is to improve consumers’ understanding of the nutritional value of foods when purchasing them. The European Commission will prepare an impact assessment in 2021 and plans to present its proposal on harmonised front-of-pack nutrition labelling in the fourth quarter of 2022.*

## Taimetoitlusega seotud riskid ja soovitus

**Marit Priinits**

*Tervise Arengu Instituut, toitumisuuringute osakond*

*marit.priinits@tai.ee*

Kliimamuutuste suureneva mõju tõttu on senisest enam kuulda üleskutseid vähendada loomse toidu tarbimist või loobuda sellest üldse. Taimetoitus kui üks vastus sellele, hõlmab suurt hulka erinevaid toitumisharjumusi. Konkreetne vorm sõltub piirangute rangusest ehk sellest, milliseid loomset päritolu tooteid tarbitakse ja milliseid välistatakse (nt täistaimetoitlased ehk veganid, piimatooteid ja/või muna söövad inimesed jne). Üldjuhul võib väita, et mida piiratum on toitumisviis, seda väiksem on selle levik. 2014. aastal Eestis läbi viidud rahvastiku toitumise uuringu sagedusküsimustiku kohaselt oli 2–74-aastaste hulgas veganeid väga vähe – 0,1%. Piima, piimatooteid ja muna söövate taimetoitlaste osakaal oli vastanute hulgas ligi 1%.

Varasemalt keskendusid taimetoitlust käsitlevad uuringud peamiselt võimalikele toitumuslikele puudujääkidele. Viimastel aastatel tehtud uuringud kinnitavad lihavaba toitumise kasusid tervisele – taimetoitlaste söömisharjumused võivad tagada piisava toitainete saamise ning olla paljuski tervislikumad kui tasakaalustamata toitumisega segatoiduliste omad. Siinkohal on aga oluline hästi kavandatud taimetoitus ehk teaduslikult põhjendatud toitumissoovituste järgimine.

Mitmete toitainete (nt kiudained, folaadid) suurema omastatavuse ja toidurasvade parema vahekorra tõttu (Alles jt., 2017; Clarys jt., 2014) on veganitel ja taimetoitlastel reeglina madalam üld- ja LDL-kolesterooli ning glükoosi tase, lisaks madalam vererõhk ja madalam kehamassiindeks kui segatoidulistel (Dinu jt., 2017; Yokoyama jt., 2014; Yokoyama jt., 2017). Varasemad uuringud on taimetoitlaste puhul näidanud väiksemat riski haigestuda südame-veresoonkonnahaigustesse, teatud vähkkasvajatesse ning 2. tüüpi diabeeti (EPIC-Oxford uuringud; Orlich ja Fraser, 2014; Qian jt., 2019). Samas on taimetoitlastel ja veganitel väiksem luutihedus ja veganitel

on suurem luumurdude risk, kusjuures vegan toitumise mõju luutihedusele on ilmsem kui taimetoitlusel (Iguacel jt., 2019; Appelby jt., 2007).

Taimetoitlasi, eriti veganeid, ohustavad mõningate toitainete puudus ja omastamine. Peamised toitained, mille puudus võib tekkida on valgud ja asendamatud aminohapped, B<sub>12</sub>-vitamiin, raud, tsink ja oomega-3-rasvhapped. Lisaks võib veganeid ja taimetoitlasi ohustada A-vitamiin, B<sub>2</sub>-vitamiin, kaltsiumi, joodi ja seleeni defitsiit. Mida piiratum on toitumine, seda suurem on risk toitainete puudujäägi tekkeks. Võrreldes segatoidulistega peaks taimetoitlaste ja veganite toidusedel vajalike toitainete saamise lihtsustamiseks sisaldama rohkem kaunvilju, pähkleid ja seemneid, puu- ja köögivilju ning täisteravilju. Oluline koht taimetoitlaste toidusedelis on rikastatud toodetel (nt taimsed joogid, juustud, jogurtid, sojatooted ja pärmihelbed).

Hästi kavandatud täistaimne toitumine aitab võimalikke puudujääke toitumises ennetada. Sellise toitumise aluseks on järgmised põhimõtted: tasakaalus-tatus, mitmekülsus, toiduenergia jälgimine, toitainetihedus, mõõdukus ja vajadustele vastavus. Teatud toitainete defitsiite on võimalik ennetada vaid rikastatud toite või toidulisandeid tarbides (nt B<sub>12</sub>-vitamiin ja D-vitamiin).

Tervise Arengu Instituut on praegu läbi viimas Eesti taimetoitluse uuringu välitöid. Uuringu põhieesmärgiks on iseloomustada Eesti taimetoitlaste toitumist ning võrrelda seda segatoiduliste toitumise ja riiklike toitumissoovitustega.

### Kasutatud kirjandus

- Appleby, P., Roddam, A., Allen, N., Key, T. 2007. Comparative fracture risk in vegetarians and nonvegetarians in EPIC-Oxford. *Eur. J. Clin. Nutr.* 61:1400–1406.
- Allès, B., Baudry, J., Méjean, C., Touvier, M., Péneau, S., Hercberg, S., Kesse-Guyot, E. 2017. Comparison of Sociodemographic and Nutritional Characteristics between Self-Reported Vegetarians, Vegans, and Meat-Eaters from the NutriNet-Santé Study. *Nutrients*, 9(9):1023.
- Clarys, P., Deliens, T., Huybrechts, I., Deriemaeker, P., Vanaelst, B., De Keyser, W., Hebbelink, M., Mullie, P. 2014. Comparison of Nutritional Quality of the Vegan, Vegetarian, Semi-Vegetarian, Pesco-Vegetarian and Omnivorous Diet. *Nutrients*, 6:1318–1332.

- Dinu, M., Abbate, R., Gensini, G. F., Casini, A., Sofi, F. 2017. Vegetarian, vegan diets and multiple health outcomes: A systematic review with meta-analysis of observational studies. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.* 57:3640–3649.
- EPIC-Oxford. Erinevad uuringud. <http://www.epic-oxford.org/epic-oxford-publications/>
- Iguacel, I., Miguel-Berges, M.L., Gómez-Bruton, A., Moreno, L.A., Julian, C. 2019. Veganism, vegetarianism, bone mineral density, and fracture risk: a systematic review and meta-analysis. *Nutr. Rev.* 77:1–18.
- Orlich, M.J., Fraser, G.E. 2014. Vegetarian diets in the Adventist Health Study 2: a review of initial published findings. *Am. J. Clin. Nutr.* 100:353–358.
- Qian, F., Liu, G., Hu, F.B., Bhupathiraju, S.N., Sun, Q. 2019. Association Between Plant-Based Dietary Patterns and Risk of Type 2 Diabetes. A Systematic Review and Meta-analysis. *JAMA Inter. Med.* 179:1335–1344.
- Tervise Arengu Instituut. (s.a.). Taimetoitlus. Portaal toitumine.ee. <https://toitumine.ee/erinevad-toitumisviisid/taimetoitlus>
- Yokoyama, Y., Nishimura, K., Barnard, N.D., Takegami, M., Watanabe, M., Sekikawa, A., Okamura, T., Miyamoto, Y. 2014. Vegetarian Diets and Blood Pressure. A Meta-analysis. *JAMA Inter. Med.* 174:577–587.
- Yokoyama, Y., Levin, S.M., Barnard, N.D. 2017. Association between plant-based diets and plasma lipids: a systematic review and meta-analysis. *Nutr. Rev.* 75:683–698.

### ***Vegetarian diet – risks and tips***

#### *Marit Priinits*

*There are many types of vegetarianism, depending on the degree of exclusion of products of animal origin from one's diet. According to the Estonian national dietary survey in 2014, there were around 0.1% vegans and 1% ovo-lacto-vegetarians among people aged 2-74 years. Vegetarian diets have some health benefits, e.g. studies indicate that vegetarians have lower risk of developing cardiovascular diseases, some types of cancer and type 2 diabetes. However, vegetarians, and especially vegans, are prone to have lower bone density and higher risk of fractures. In addition, due to restricted diets vegetarians may have a deficit of some nutrients – mostly protein and essential amino acids, vitamin B12, iron, zinc and omega-3 fatty acids, but also vitamin A, vitamin B2, calcium, iodine and selenium. An appropriately planned diet helps to prevent deficiencies in the above-mentioned nutrients. Compared to omnivores, vegetarians should eat more pulses, nuts, seeds, fruits and vegetables, whole grains and enriched products in order to provide their organism with the necessary nutrients.*



## The leadership of oat drinks in the market of plant-based beverages

Monica Nabil Gayed Ibrahim<sup>1,2\*</sup>, Ivi Jõudu<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, toiduteaduse ja toiduainete tehnoloogia õppetool

<sup>2</sup>ITMO (University of Information Technologies, Mechanics and Optics, Saint-Petersburg), biotehnoloogia teaduskond, taimsest toormest toidu biotehnoloogia osakond

\*monica.nabil@student.emu.ee

### Introduction

In the last decade, the consumers demand began to express a great shifting from the dairy products to the non-dairy products, especially the plant-based beverages. The reasons behind that were rising the prevalence of lactose intolerance prevalence, milk allergy, hypercholesterolemia, and calorie concerns (Sethi et al., 2016). The lactose intolerance cases were reported worldwide with different distribution from one country to another. Southern America, Africa and Asia have up to 80% of their population suffering from lactose intolerance, but in Northern America and Northern Europe have up to 40% only (Deora and Deswal, 2018). Additionally, it is observed that approximately 2.5% of children less than 3 years old and 0.3% of adults are allergic to milk (Sampson, 2004). By consequence, the food researchers tried to study different types of plant-based beverages to fulfil the consumers' needs. In 2018, the market growth estimation for the plant dairy alternative was 15% with reaching a value of \$14 billion (Markets and Markets, 2013). The popular plant-based beverages present in the market are coming from legumes (soybeans), cereals (oats, rice), and nuts (almonds, hazelnuts) (Munekata et al., 2020).

The oat drink products showed a great emerging in the market due to its unique nutritional composition and potential therapeutic benefits. Due to the

health benefits of the oat grain, it was approved as promising raw material for the producing functional oat-based beverages (Sethi et al., 2016). The presence of allergens in soy and almond-based drinks allowed the leadership of oat-based drinks in the market. The global oat-drinks market size was estimated by \$3.7 billion in 2019, and it is expected to grow at a compound annual growth rate (CAGR) of 9.8% from 2020 to 2027 (Grand view research, 2020). The technological process of oat-drinks comprises serial of physical, thermal, and enzymatic treatments, which can affect on the nutritional composition of oat-drinks and their health benefits (Deora and Deswal, 2018). This paper aims to give an outline about the nutrient contents of oat-drink and their health benefits, moreover the influence of the technological processes on the nutrients of oat-based beverages.

### The nutrients content of oat drink and their health benefits

The oats are characterized by a well-balanced nutritional composition. The oats are a good source of functional proteins, fats (especially unsaturated fatty acids), soluble fibres (especially the beta-glucan), phytochemicals. The oat proteins are ranges from 11-15% and the major protein in oats is the globulin. Oats were approved as a good source of quality protein with good amino acid balance (Sethi et al., 2016). Thus, oats are rich in lysine content compared to other cereals while they have a rather lower content of glutamic acid and prolamin. It contains essential amino acids such as oleic acid (45.6 g/kg), linoleic acid (36.2–40.4%), and linolenic acid (38.4–41.6%). Additionally, the oats were used in the production of gluten-free or celiac diets (Rasane et al., 2015; Paul et al., 2019).

Oat is also a source of many compounds that exhibit antioxidant activity. Phenolic compounds, avenanthramides (2–289 mg per kg), saponins (avenacoside A – 290 mg per kg and avenacoside B – 110 mg per kg), phytic acid, vitamin E (tocols) are the most abundant antioxidants in oat, besides to flavonoids and sterols (Deswal et al., 2013; Paul et al., 2019). Additionally, that the oat is a rich source of antioxidants and polyphenols, it possesses a wide range of macromolecules in different proportions, the highest proportion is occupied by starch (60%) with a relatively balances protein content (11–15%) and lipids (5–9%), moreover, the oat is a good source for dietary fibres (2.3–8.5%) and calcium content (0.54%) (Rasane et al., 2015).



The main interest in oats arises from the presence of functionally active component the beta-glucan which possesses nutraceutical properties. Beta-glucan content in oats is estimated to be around 3.9–7.5 g per 100 g of dry mass (Deswal et al., 2013). The oat beta-glucan is one dietary fibres, which resist the digestion and absorption in the small intestine, for that it attenuates both blood cholesterol and glucose, serves as a substrate for the microflora of the gut and promotes laxation (Sethi et al., 2016). Paul et al. (2019) mentioned the anti-cancerous effect oat beta-glucan that can reduce the causative agents of colon cancer. It was reported that compared to control, 5 g of  $\beta$ -glucans from oats significantly lowered total cholesterol by 7.4% ( $p < 0.01$ ), and postprandial concentrations of glucose and insulin (Deora and Deswal, 2018). The oat beta-glucan has the structure of linear polysaccharide that consists of  $\beta$ -D-glucopyranosyl units joined by either (1→3) or (1→4)  $\beta$ -D-linkages. The Food and Drug Administration has accepted a health claim stating that a daily intake of 3 g of soluble oat  $\beta$ -glucan can lower the risk of coronary heart disease with the daily recommended dose of 0.75 g serving (Amundsen et al., 2003).

### **Effect of the technological process of oat drinks on its nutrients content**

The process of oat-based beverage preparation is consisting of multiple stages. It begins from oat soaking, roasting, milling (dry or wet), and slurry formulation. The following critical step including the enzymatic treatment where the oat grain is converted into liquid contains all the extracted oat nutrients, then decantation or filtration, enzyme inactivation, formulation, homogenization, UHT treatment and aseptic packaging (Deora and Deswal, 2018; Tangyu et al., 2019). Most of all the previous treatment can affect on the nutrients content of the final oat-drink product, for that many investigations for their control are needed.

The main issue during the heat treatment of oat drinks is the gelatinization process of starch which occurs at a temperature range from 44.7–73.7 °C. Consequently, the gelation has drawbacks on the yield, total solids, the viscosity, and the acceptability of oat drinks (Deswal et al., 2013). The application of amylases for starch hydrolyses was established for solving the starch gelation, and maximizing the yield ( $\geq 75\%$ ) by facilitation the filtration process. The enzymatic treatment also resulted in increasing the

amount of total solids in the range of  $25.01 \pm 0.15$  by the action of amylases on starch resulting in the production of maltodextrins and decreasing the viscosity into  $1.01 \pm 0.08$  Pa.s (Deswal et al., 2013; Sethi et al., 2016).

US patent, US2015/0351432A1, explained the potential effect of protein deamidase and proteinases in increasing the water-soluble proteins content in oat-based beverages. Another study demonstrated the impact of treating the oat drink with phytase in order to improve the nutritional value by liberating the inorganic phosphate from the phytic acid (Sethi et al., 2016). Deora and Deswal (2018) were mentioned the effect of other processes, for instance, the decanting process caused a 47% increase of vitamin B6 and a 45–74% loss of phosphorus, zinc, calcium, and iron. The steam-injection UHT treatment caused a 60% loss of vitamin D3 and a 30% loss of vitamin B12.36.

The degradation rate of oat Beta-glucan was noticed to be moderate or neglected at 95 °C but significant at 120 °C, for that the heat treatment in the roasting of oat or the UHT treatment can affect on the Beta-glucan content in oat drinks (Kivelä, 2011). The prominent effect of utilizing pure amylases in producing oat drink rich in intact Beta-glucan was mentioned by the US patent, US2015/0351432A1 (Triantafyllou, 2015). Beta-glucan in oat bran binds strongly with proteins and starch which results in difficulties to separate them (Alam, 2012). This complex structure can lead from one side to a decrease in the Beta-glucan of oat drink during the decantation or filtration, or from another side to an increase in the Beta-glucan content during the enzymatic treatment (protease, amylase) of oat drinks. Further researches are needed to understand and control the effect of each step in the technological process of oat drink on its Beta-glucan content.

### **Conclusion**

The consumer needs for dairy alternative products showed a marked increase in the market, especially for oat beverages. The oat beverages are recognizing with their unique nutrient content and their potential health benefits. The technological process of oat drink production has an enormous effect on the nutritional composition of the final product and its physiological properties. The Beta-glucan content of oat drinks products presents a dramatic decrease during their processing. This evidence raised the need for further investigation to the production process of oat drinks and avoiding its effect on the beta-glucan content.

## References

- Alam, S.A. 2012. Effects of extrusion process variables on the physical properties of oat containing extrudates. Department of Food and Environmental Sciences, University of Helsinki, Finland. 77 p.
- Amundsen, A.L., Haugum, B., Andersson, H. 2003. Changes in serum cholesterol and sterol metabolites after intake of products enriched with an oat bran concentrate within a controlled diet. *Scand. J. Food Nutr.* 47(2):68–74.
- Deora, N., Deswal, A. 2018. Non-dairy based beverages: An insight. *J. Nutr. Food Technol.* 1(1):1–4.
- Deswal, A., Deora, N.S., Mishra, H.N. 2013. Optimization of Enzymatic Production Process of Oat Milk Using Response Surface Methodology. *Food Bioproc. Tec.* 7(2):610–618.
- Grand view research. 2020. Oat Milk Market Size, Share & Trends Analysis Report By Product (Plain, Flavored), By Source (Organic, Conventional), By Application (Food, Beverages), By Region (Europe, APAC, North America), And Segment Forecasts, 2020–2027.  
<https://www.grandviewresearch.com/industry-analysis/oat-milk-market>
- Kivelä, R. 2011. Non-enzymatic degradation of (1→3) (1→4)-β-d-glucan in aqueous processing of oats. Department of Food and Environmental Sciences, University of Helsinki, Finland. 77 p.
- Markets and Markets, 2013. Dairy alternative (beverage) market by type (Soy, almond, rice), formulation (plain, flavored, sweetened, unsweetened), channel (supermarket, health store, pharmacy, convenience store) & geography—global trends & forecast to 2018. <http://www.marketsandmarkets.com/Market-Reports/dairy-alternative-plant-milk-beverages-market-677.html>
- Munekata, P.E.S., Domínguez, R., Budaraju, S., Roselló-Soto, E., Barba, F.J., Mallikarjunan, K., Roohinejad, S., Lorenzo, J.M. 2020. Effect of Innovative Food Processing Technologies on the Physicochemical and Nutritional Properties and Quality of Non-Dairy Plant-Based Beverages. *Foods*. 9(3):288.
- Paul, A.A., Kumar, S., Kumar, V., Sharma, R. 2019. Milk Analog: Plant based alternatives to conventional milk, production, potential and health concerns. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.* 60:3005–3023.
- Rasane, P., Jha, A., Sabikhi, L., Kumar, A., Unnikrishnan, V.S. 2013. Nutritional advantages of oats and opportunities for its processing as value added foods - a review. *J. Food Sci. Tec.* 52(2):662–675.
- Sampson, H.A. Update on food allergy. 2004. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*. 113(5):805–819.
- Sethi, S., Tyagi, S.K., Anurag, R.K. 2016. Plant-based milk alternatives an emerging segment of functional beverages: a review. *J. Food Sci. Technol.* 53(9):3408–3423.
- Tangyu, M., Muller, J., Bolten, C.J., Wittmann, C. 2019. Fermentation of plant-based milk alternatives for improved flavour and nutritional value. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 103:9263–9275.
- Triantafyllou, A. 2015. Liquid oat base. US patent 2015/0351432A1.

---

## Kaerajookide eelised taimsete jookide turul

Monica Nabil Gayed Ibrahim, Ivi Jõudu

Tarbijate nõudluses on toimumas nihe piimatoodetelt mittepiimatoodetele, eriti taimsetele jookidele. Selle muudatuse põhjuseks on laktoositahumatus, piimaallergia ja hüperkolesteroleemia levimuse tõus ning tarbijate soov jälgida toiduga saadavat energiahulka. Kaerajoogitooted on unikaalse toiteväärtuse ja potentsiaalsete kasulike terapeutiliste omaduste tõttu taimsete jookide turul esile kerkimas. Kaerajookide tehnoloogiline protsess hõlmab järjestikuseid füüsikalisi, termilisi ja ensümaatilisi tehnoloogilisi operatsioone, mis võivad mõjutada kaerajookide toiteväärtust ja nende kasulikkumõju tervisele. Selle artikli eesmärk on anda ülevaade kaerajoogi toitainete sisaldusest, kasulikust tervisemõjust ning tehnoloogiliste protsesside mõjust kaerapõhistes jookides leiduvatele toitainetele.

## ***Listeria monocytogenes*'e esinemine lihatoodetes**

**Julia Koskar<sup>1,2\*</sup>, Mati Roasto<sup>1</sup>, Kadri Meremäe<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, toiduhügieeni ja rahvatervise õppetool

<sup>2</sup>Veterinaar- ja Toidulaboratoorium, molekulaaranalüüsi osakond

\*julia.koskar@student.emu.ee

### **Sissejuhatus**

Käesolev artikkel annab ülevaate *L. monocytogenes*'e olulisusest toiduohutuses ning patogeeni kasvu hindamise võimalustest valmistoitudes. Artiklis keskendutakse patogeeni esinemisele lihas ja lihatoodetes ning kirjeldatakse nakkustesti teostamist EMÜ toiduhügieeni laboris *L. monocytogenes*'e kasvupotentsiaali hindamiseks taimse materjaliga rikastatud lihatoodetes.

*Listeria* on gram-positiivsete bakterite perekond, mis kuulub Listeriaceae sugukonda ja koosneb 21 liigist (Quereda jt., 2020), sealhulgas inimesele ja loomale patogeensetest *Listeria monocytogenes* ja *Listeria ivanovii* liikidest. Viimane põhjustab infektsioone eelkõige loomadel, kuid registreeritud on ka üksikuid haigusjuhte inimesel (Leclercq jt., 2019).

*L. monocytogenes* on looduskeskkonnas esinev bakter, mida võib leida pinnases, mullas, vees, taimedel ning imetajate soolestikus. Toitu võivad *L. monocytogenes*'e bakterid sattuda saastunud toorainetest ja/või saastunud toidukäitlemispindade vahendusel, nt valmistoitude viilutamisel ja pakendamisel (Roasto ja Laikoja, 2019).

*L. monocytogenes* põhjustab raske haiguskuluga, peamiselt toidu kaudu levivat haigust, mida nimetatakse listerioosiks. Mitteinvasiivse listerioosi sümptomiteks on palavik, lihasvalu, iiveldus ja kõhulahtisus, kuid sümptomid võivad haiguskulust sõltuvalt erineda. Rasedatel võib haigus kulgeda kergelt gripile sarnase haigusena, kuid haiguse invasiivne vorm võib põhjustada ka enneaegse sünnituse või surnultsünni. Vanuritel ja immuunpuudulikkusega inimestel võib tekkida baktereemia või meningiit.

Aastal 2018 registreeriti Euroopa Liidus (EL) 2549 listerioosi haigestumist, mis teeb 0,47 haigusjuhtu 100000 inimese kohta. Listerioosi haigestumus oli kõrgeim Eestis, Soomes, Rootsis ja Taanis - vastavalt 2,05; 1,45; 0,88 ja 0,85 haigusjuhtu 100000 elaniku kohta (EFSA, 2019). Kuigi listerioosi haigusjuhtumite arv ei ole kõrge, on haigustekitaja üks ohtlikumaid, sest invasiivse listerioosi korral on surmaga lõppevate haigusjuhtude määr väga kõrge. Näiteks oli 2017. ja 2018. aastal EL-is listerioosi surmaga lõppevate haigusjuhtude määr 13,8 ja 15,6% (EFSA, 2018 ja 2019).

Aastal 2018 ja 2019 registreeriti Eestis vastavalt 28 ja 22 listerioosi haigusjuhtu (Terviseamet, 2021). 2018. aastal haigestusid põhiliselt eakamad inimesed ning haiguse kliiniliseks vormiks oli enamikel juhtudel septitseemia või meningiit/meningo-entsefaliit (Terviseamet, 2020).

### **Listerioos ning seonduvad toidud**

Listerioos võib esineda gripi-sarnaste ning kõhulahtisuse sümptomitega haigustest kuni eluohtlike infektsioonideni nagu meningoentsefaliit, septitseemia ja endokardiit. Listerioos on eriti ohtlik riskirühmadesse kuuluvatele inimestele nagu väikelapsed, rasedad, eakad ning immuunpuudulikkusega inimesed. Vanus omab listerioosi haigestumises ning haiguse tõsiduses väga olulist rolli, kuna listerioosi suremus on suurim üle 60-aastaste ning alla aasta vanuste laste hulgas (Painter ja Slutsker, 2007).

Listerioosi haigestumine toimub tavaliselt saastunud valmistoidu, eriti pastöriseerimata piimatoodete ning liha- ja kalatoodete söömise kaudu. Valmistoit (inglisekeelne lühend RTE, *Ready-to-Eat*) on toit, mida tootja või valmistaja on kavandanud otsetarbimiseks ja mis ei vaja kuumtöötlemist või muul viisil töötlemist asjaomaste mikroorganismide tõhusaks kõrvaldamiseks või nende taseme vähendamiseks vastuvõetava piirini (määrus (EÜ) 2073/2005).

Enamik listerioosi haiguspuhangutest on põhjustatud pika säilimisajaga (üle kümne päeva) valmistoitude, eelkõige liha- ja kalatoodete tarbimisest. Oluliseks riskifaktoriks on ka *L. monocytogenes*'e võime kasvada madalatel temperatuuridel nii vaakumisse kui gaasikeskkonda pakendatud valmistoitudes (Stephan jt., 2015). *L. monocytogenes*'e kasvu alumine piirmäär on sõltuvalt toidust -1,5 kuni +3 °C. Madalaid temperatuure kasutatakse

mikroobide kasvu kontrollimiseks, kuid listeria kontekstis pärssivad antud tingimused eelkõige konkureeriva mikrobioota kasvu, soodustades seeläbi *L. monocytogenes*'e ellujäämisvõimet ja püsivust, eriti jahutatud ja külmutatud toitudes.

### ***L. monocytogenes*'e kasvu hindamise võimalused**

Toidukäitlejad peavad kindlustama, et toit on kogu säilimisaja jooksul ohutu. Erilist tähelepanu tuleb pöörata valmistoitudele, milles *L. monocytogenes* on võimeline paljunema. Valmistoitude säilimisaja määramisel on oluline arvestada, kas toit kui keskkond on võimeline soodustama patogeeni kasvu. *L. monocytogenes* ei kasva keskkonnas, kus on rohkelt konkureerivat mikrobioota, nt piimhappebaktereid ning teisi fermentatsiooniks kasutatavaid mikroorganisme. Samuti on hapendatud toitude pH võrdlemisi madal, mis omakorda pidurdab listeriae kasvu. *L. monocytogenes* ei kasva valmistoitutes mille pH  $\leq 4,4$  või veeaktiivsus  $\leq 0,92$ ; ning toitudes, mille pH  $\leq 5,0$  ja veeaktiivsus  $\leq 0,94$  (Roasto, 2019).

*L. monocytogenes*'e kasvupotentsiaali hindamiseks peab toidukäitleja laboratoorsete katsetega määrama toidu füüsikalise-keemilised omadused, nt toidu pH, veeaktiivsuse, soolasisalduse, säilitusainete kontsentratsiooni jms, mis otseselt mõjutavad listeriae kasvu toidus. Vastavad andmed peavad olema detailselt dokumenteeritud (Roasto ja Laikoja, 2019).

*L. monocytogenes*'e kasvu toitudes saab hinnata kasutades sobilikke matemaatilisi prognoosmudeleid ja/või teostades nakkuskatsed vastavuses Euroopa Liidu *L. monocytogenes* referentlaboratooriumi (EURL *Lm*) tehnilisele juhenddokumendile ja/või ISO standardile. Otstarbekas on esmalt läbi viia prognoosmudeli analüüsi ning seejärel vajadusel teostada nakkuskatsed.

**Matemaatiliste prognoosmudelite** koostamise aluseks on laboratoorsete mikrobioloogiliste analüüside teel saadud andmed ning arvutitarkvara, mis võimaldab graafiliselt kirjeldada mikroorganismide kasvudünaamikat, rakendades erinevaid seismiste ja väliste tegurite kombinatsioone. Seega on mudelite lähteandmeteks tavaliselt asjaomase toote füüsikalised ja keemilised näitajad nagu pH, veeaktiivsus, soolasisaldus, säilitusainete kontsentratsioon, säilitamistingimused jms. Teised lähteandmed on seotud uuritava mikroorganismi kasvutingimustega.

**Nakkuskatsed** ehk *challenge*-testi kasutatakse teatud toitude ohutuse ja säilimisaja määramiseks, hinnates konkreetsele toidule spetsiifiliste ning tooraines võimalikult esinevate patogeenide kasvu ja/või nende poolt toksiinide tootmise võimekust. Nakkustest hõlmab toote tahtlikku nakatamist (kontamineerimist) tootespetsiifiliste mikroorganismidega, seejärel toidu säilitamist kindlatel temperatuuridel ning asjakohaste mikroorganismide määramist eelnevalt kindlaks määratud ajaperioodide järel. Tegemist on laboratoorse simulatsiooniga olukorrast, mis võib mikrobioloogiliselt juhtuda tootega turustamise ja järgneva käitlemise ajal juhul, kui see oleks mikroorganismiga saastunud. Katse lõpus määratakse konkreetse mikroorganismi kasvupotentsiaal ( $\delta$ ). Nakkuskatsete tulemusena saadud kasvupotentsiaali väärtus  $> 0,5 \log_{10}$  pmü/g osutab faktile, et toit toetab uuritava mikroobi kasvu (EVS-EN ISO 20976-1:2019). Nakkustesti on võimalik kasutada kehtestatud säilimisaja valideerimise eesmärgil hindamaks toiduohutust säilimisajal ning pärast säilimisaja ületamist (Koskar, 2018).

### ***Listeria monocytogenes*'e esinemine lihatoodetes**

Euroopas on *L. monocytogenes*'e esinemise suhtes kõige sagedamini analüüsitud liha- ja lihatooteid ning seda põhjusel, et antud kategooria tooted põhjustavad enim listerioosi juhtumeid. 2018. aastal tõusis uuritud proovide arv RTE lihatoodete kategoorias 28% võrreldes 2017. aastaga ning kõigist analüüsitud liha ja lihatoodetest (va fermenteeritud vorstid) oli *L. monocytogenes*'e levimus 0,98% (EFSA 2019).

Eestis teostatud uuringutes leiti, et *L. monocytogenes*'e levimus RTE lihatoodetes oli 0,9%, mis on väga sarnane Euroopa keskmise levimusega antud kategooria toodetes (Koskar jt., 2019). Aastate lõikes tuvastati *L. monocytogenes*'t lihatoodetes vahemikus 0,2–1,2%. Enim positiivseid proove tuvastati suitsulihtoodetes (2,5%, CI95 1,6–3,9%), millele järgnesid keedutooted (1,4%, CI95 0,8–2,3%) ja teised lihatooted (0,7%, CI95 0,5–1,0%) (tabel 1).



**Tabel 1.** *Listeria monocytogenes* lihatoodetes aastatel 2012–2016 Eestis (Koskar jt., 2019).

Proov	Positiivseid proove / proovide üldarv (% positiivseid)					Kokku
	2012	2013	2014	2015	2016	
Suitsuliha tooted	7/159 (4,4)	3/211 (1,4)	11/171 (6,4)	1/189 (0,5)	0/140 (0)	22/870 (2,5%)
Praetooted	1/58 (1,7)	0/60 (0)	0/238 (0)	0/110 (0)	0/104 (0)	1/570 (0,2%)
Keedutooted	1/292 (0,3)	10/256 (3,9)	1/250 (0,4)	0/94 (0)	4/269 (1,5)	16/1161 (1,4%)
Suitsuvorstid	1/209 (0,5)	0/128 (0)	0/110 (0)	0/156 (0)	0/193 (0)	1/796 (0,1%)
Teised lihatooted	13/1153 (1,1)	2/1126 (0,2)	6/1116 (0,5)	1/739 (0,1)	13/803 (1,6)	35/4937 (0,7%)

Maailmas on läbi aastate olnud ulatuslike listerioosi puhangute põhjustajaks erinevat tüüpi lihatooted, nt pasteet (1987–1989. a., Suurbritannias 366 nakatunut, surmade kohta andmed puuduvad), keel tarrendis (1992. a., Prantsusmaa, 279 nakatunut, 85 surma), *hot-dog* (1998–1999. a., USA, 108 nakatunut, 14 surma) ja suitsuvorst (2017–2019. a., Lõuna-Aafrika, 1036 nakatunut, 216 surma) (Matle jt., 2020).

### Nakkuskatse teostamine EMÜ toiduhügieeni laboris

Toiduhügieeni õppetoolis teostati nakkuskatse järgmiselt: katseproovideks olid lisanditega ning lisanditeta seahakklihast valmistatud kuumtöödeldud lihapallid. Lisanditega liha oli rikastatud taimse materjaliga, milleks oli 2% tomatipulbrit ja 2% küüslaugupulbrit (kokku lisandit 4%). Mõlemaid katseproove nakatati kunstlikult *L. monocytogenes*'ega, viies süstla abil tootesse mikroobisuspensiooni. Mikroobisuspensioon sisaldas kahte *L. monocytogenes*'e tüve, mis olid isoleeritud lihast ja pärinesid EURL *Lm* tüvedekollektsioonist. Mikroobisuspensiooni kontsentratsioon oli ligikaudu 100 pesa moodustavat ühikut grammis (pmü/g) nakatatud proovis. Nakatatud proovid pakendati vaakumkeskkonda ning hoiustati termostaadis temperatuuril 7 ± 1 °C 15 päeva.

Mõõtepunkte oli kuus, millest esimene oli nakatamise päev (0 päev). Seejärel teostati väljakülvid ja mõõtmised iga 3 päeva tagant (3. kuni 15. päev). Igas punktis mõõdeti toodete pH-d ja veeaktiivsust ( $a_w$ ) kahes paralleelproovis ning määrati mikroobide üldarvud (kahes paralleelproovis) ning *L. monocytogenes*'e arvuline esinemine (kolmes paralleelproovis). Esimese ja viimase päeva listeria tulemusi võrreldes arvutati välja *L. monocytogenes*'e kasvupotentsiaal antud toodetes. Nakkustestile täiendavalt määrati kromatograafilise meetodiga lihaproovides oksüliipiinide sisaldused ning spektrofotomeetriliselt tiobarbituurhappega reageerivate ainete (inglise keelne lühend TBARS, *thiobarbituric acid reactive substance*) meetodil rasvhapete oksüdatsiooni tase lihaproovides. Hetkel on katseseeriade tulemused analüüsimisel, täiendavad katseseeriad planeerimisel, eelretsenseeritavate artiklite käsikirjad koostamisel, mistõttu on tulemuste tutvustamine võimalik alles järgnevatel konverentsidel.

### Kokkuvõte

*Listeria monocytogenes* on inimese tervist potentsiaalselt ohustav patogeen, mis võib kasvada mitmesugustes valmistoidudes, sh valmislihatoodetes. Valmistoitade säilimisaja määramisel on oluline arvestada, kas toit kui keskkond on võimeline soodustama *L. monocytogenes*'e kasvu. Seda on võimalik prognoosida ja määrata vastavate mudelite ja nakkuskatsetega. Nakkuskatsed annavad toidukäitlejatele väärtuslikku teavet toidu ohutuse ja kvaliteedi kohta ning aitab kehtestada toidule õiged säilitamistingimused ja õige säilimisaja. Viimane omakorda tagab toidu ohutuse, seeläbi rahvatervise.

### Tänu sõnad

Käesolev uuring on läbi viidud EMÜ baasfinantseeritava projekti P180279VLTR „Looduslike bioaktiivsete ainete toime ning seonduvate mehhanismide uurimine toidumaatriksites“ ning projekti F200143PKPA (Ressursside väärimise alase TA-tegevuse toetamise, ResTA14) „Taimsete tootmisjäätike bioaktiivsete komponentide kasutamine loomsete toiduainete säilivuse ja tervislikkuse suurendamiseks või loomsete toitade väärimiseks (TAIMLOOMTOIT)“ raames.

## Kasutatud kirjandus

- EFSA, European Food Safety Authority. 2018. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. *EFSA Journal*, 16(12):5500.
- EFSA and ECDC, European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control. 2019. The European Union One Health 2018 Zoonoses Report. *EFSA Journal*, 17(12):5926.
- EVS-EN ISO 20976-1:2019 Microbiology of the food chain – Requirements and guidelines for conducting challenge tests of food and feed products – Part 1: Challenge tests to study growth potential, lag time and maximum growth rate. Eesti Standardikeskus.
- Koskar, J., Kramarenko, T., Meremäe, K., Kuningas, M., Sõgel, J., Mäesaar, M., Anton, D., Lillenberg, M., Roasto, M. 2019. Prevalence and numbers of *Listeria monocytogenes* in various ready-to-eat foods over a 5-year period in Estonia. *J. Food Prot.* 4:597–604.
- Koskar, J. 2018. Challenge-testide kasutamine toidu mikrobioloogias. *Konverentsi "Terve loom ja tervislik toit 2018" artiklite kogumik* (toim. M. Kass), Eesti Maaülikool. lk 25–27.
- Leclercq, A., Moura, A., Vales, G., Tessaud-Rita, N., Aguilhon C., Lecuit, M. 2019. *Listeria thailandensis* sp. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 69:74–81.
- Matle, I., Mbatha, K.R., Madoroba, E. 2020. A review of *Listeria monocytogenes* from meat and meat products: Epidemiology, virulence factors, antimicrobial resistance and diagnosis. *Onderstepoort J. Vet. Res.* 87(1):e1–e20.
- Määrus (EÜ) nr. 2073/2005, toiduainete mikrobioloogiliste kriteeriumite kohta. <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/ET/TXT/PDF/?uri=CELEX:02005R2073-20200308&qid=1612193988017&from=et> (teabeallikat kasutatud: 07.01.2021)
- Painter, J., Slutsker, L. 2007. Listeriosis in humans. In: *Listeria, Listeriosis and Food Safety*. Third Edition. (Eds. E.T. Ryser, E.H. Marth). CRC Press, pp. 85–109.
- Quereda, J.J., Leclercq, A., Moura, A., Vales, G., Gómez-Martín, Á., García-Muñoz, Á., Thouvenot, P., Tessaud-Rita, N., Bracq-Dieye, H., Lecuit, M. 2020. *Listeria valentina* sp. nov., isolated from a water trough and the faeces of healthy sheep. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 70(11):5868–5879.
- Roasto, M., Laikoja, K. 2019. Toidu säilimisaja määramine, I osa. Eesti Maaülikooli toiduhügieeni ja rahvatervise õppetool. 2019 (täiendatud ja parandatud trükk). 44 lk.
- Roasto, M. 2019. Olulised toidupatogeenid. Ohtlikkus, kasvuparameetrid, ohjamise võimalused. Eesti Maaülikool. Vali Press OÜ. 22 lk.
- Stephan, R., Althaus, D., Kiefer, S., Lehner, A., Hatz, C., Schmutz, C., Jost, M., Gerber, N., Baumgartner, A., Hächler, H., Mäusezahl-Feuz, M. 2015. Foodborne transmission of *Listeria monocytogenes* via ready-to-eat salad: A nationwide outbreak in Switzerland, 2013-2014. *Food Control*. 57:14–17.
- Terviseamet. 2020. Nakkushaiguste esinemine Eestis. 17 osa. Listerioos. lk. 73–75.
- Terviseamet. 2021. Nakkushaigustesse haigestumine. Salmonellooside ja kampülobakterenteriidi esinemine Eestis alates 2006. aastast. [https://www.terviseamet.ee/et/nakkushaigused-menuu/tervishoiutootajale/nakkushaigustesse-haigestumine#Nakkushaigused%20ja%20immunosupressioon%20Eestis%20\(%20C3%BCleivaade\)%20alates%202003.%20aastast](https://www.terviseamet.ee/et/nakkushaigused-menuu/tervishoiutootajale/nakkushaigustesse-haigestumine#Nakkushaigused%20ja%20immunosupressioon%20Eestis%20(%20C3%BCleivaade)%20alates%202003.%20aastast) (Teabeallikat kasutatud: 01.01.2021)



### ***Listeria monocytogenes* in meat products**

Julia Koskar, Mati Roasto, Kadrin Meremäe

*This article provides an overview of the importance of *L. monocytogenes* with regard to the food safety of ready-to-eat (RTE) foods and the possibilities for evaluating its growth potential in foods. An overview of the presence of the pathogen in meat and meat products is provided. Additionally, the performance of a challenge-test in the EMÜ Food Hygiene Laboratory for the evaluation of the growth potential of *L. monocytogenes* in meat products enriched with plant material is described. *L. monocytogenes* causes the severe food-borne disease listeriosis. This disease is usually caused by eating contaminated ready-to-eat foods, especially unpasteurized dairy products and meat and fish products. The growth of *L. monocytogenes* in food can be assessed using appropriate mathematical models and / or by performing challenge-tests in accordance with ISO standards and / or the technical guidance document of the European Union Reference Laboratory for *L. monocytogenes*. Studies in Estonia found that the prevalence of *L. monocytogenes* in RTE meat products was 0.9%. The highest proportion of *L. monocytogenes* positive samples (2.5%; 22/870) was found among smoked meat products and cooked meat products (1.4%; 16/1161). A low prevalence of *L. monocytogenes* (on average 0.1% and 0.2%) was determined for smoked meat sausages and fried meat products in Estonia.*

## **Kampülobakterid liha tootmise ahelas**

Triin Tedersoo<sup>1,2\*</sup>, Mati Roasto<sup>1</sup>, Jelena Sögel<sup>3</sup>, Kadrin Meremäe<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, toiduhügieeni ja rahvatervise õppetool

<sup>2</sup>Veterinaar- ja Toidulaboratoorium

<sup>3</sup>Põllumajandus- ja Toiduamet

\*triin.tedersoo@student.emu.ee

### **Sissejuhatus**

Termofiilsete kampülobakterite poolt põhjustatud kampülobakterenteriit on Euroopa Liidus (sh Eestis) enim diagnoositud ja sagedamini esinev toidutekkeline bakteriaalne gastroenteriit. Euroopa Liidus esines 2018. aastal 246571 kinnitatud kampülobakterenteriidi haigusjuhtumit, mis teeb keskmiselt 64,1 juhtumit 100000 elaniku kohta (EFSA ja ECDC, 2019). Ligikaudu 80% kampülobakterioosi juhtudest on põhjustatud *Campylobacter jejuni* ja 10% *Campylobacter coli* poolt (EFSA, 2018).

Kampülobakterioosi kõige sagedasemad haigustunnused on kõhulahtisus, kõhuvalu, oksendamine, üldine halb enesetunne ja palavik. Enamasti on tegemist iseenesest mööduva kõhulahtisusega, kuid harvematel juhtudel võivad tekkida ka tõsisemad komplikatsioonid, nagu kardiovaskulaarsüsteemi- ja reproduktiivorganite infektsioonid, abstsessid, meningiit, baktereemia ja septitseemia. Harvadel juhtudel võivad kampülobakterid põhjustada ka liigesepõletikku, luuüdi põletikku ning vastsündinuil ajukelmepõletikku. Väga harvadel juhtudel võib kampülobakterioosi infektsiooni tulemusena tekkida inimesel autoimmuunne perifeerse närvisüsteemi häire, mida tuntakse Guillain-Barré sündroomina ning selle alavormi Miller Fisher'i sündroomina (Kaakoush jt., 2015; Connor, 2020).

### **Nakkusallikad ja ülekandeteed**

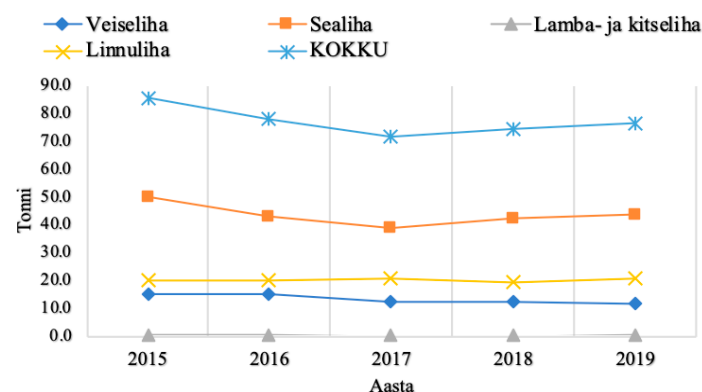
Termofiilsete kampülobakterite esinemine toidu tootmise ahelas võib kujutada ohtu inimeste tervisele. Nakkusallikateks peetakse enamasti värsket linnuliha (eelkõige kanabroileriliha), kuid nakkusallikateks võivad olla ka

toores või alaküpsetatud muu loomaliigi liha, pastöriseerimata piim ja piimatooted ning kuumtöötlemata toidud, kuid samuti toidud, mis on kampülobakteritega ristsaastunud. Nakatumine võib toimuda otsese kontakti teel haigustekitajaid kandvate põllumajandus- või lemmikloomadega ning saastunud vee ja toidu tarbimisel.

Kui farmi bioohutuse meetmed ei ole piisavalt efektiivsed, on keeruline ära hoida kampülobakterite kontaminatsiooni farmi tasandil, sest kampülobakterid on looduses laialdaselt levinud ja haigustekitaja ülekandeteid on palju. Üldjuhul on kampülobakterite kandjateks ja levitajateks kliiniliselt terved loomad ja linnud. Kui farmi loomadel või lindudel juba esineb kampülobakterite kandvus, siis edasine kampülobakterite levik karjas on väga kiire. Kuna kampülobaktereid kandvate loomade ja lindude umsooled sisaldavad väga kõrgetes kontsentratsioonides kampülobaktereid, on põllumajandusloomade ja -lindude algtöötlemisel tapamajas suur oht saastada seadmed ja muu inventar, seeläbi ka eelneva saasteta rümbad. Nii jõuab kampülobakteritega saastunud toorlihapartii edasi jaemüügi tasandile. Seega on väga oluline hügieeni- ja kontrollmeetmete efektiivne rakendamine kogu liha tootmise ja töötlemise ahelas, et hoida kampülobakterite esinemine ja kontsentratsioon võimalikult madal.

### Liha roll tarbimises

2019. aastal toodeti Eestis 76 300 tonni liha, millest 43 900 tonni moodustas sealih, 20 300 tonni linnuliha ja 11 400 tonni veiseliha (joonis 1).



Joonis 1. Lihatoodang Eestis (möödühik: tuhat tonni), (Statistikaamet, 2020).

Statistikaameti (2020) andmetel oli lihatarbimine 2019. aastal 104 000 tonni liha, mis on 7500 tonni vähem kui 2018. aastal. Linnuliha süüakse aastas keskmiselt inimese kohta 26,8 kilogrammi. Kõige enam söövad eestlased sealih. 2019. aastal tarbiti kokku 43 900 tonni sealih, mis teeb ühe inimese kohta 41,6 kilogrammi liha aastas. 2019. aastal söödi veiseliha ühe inimese kohta 9,7 kilogrammi. Lamba- ja kitseliha söödi 2019. aastal alla ühe kilogrammi inimese kohta (Statistikaamet, 2020).

### Liha roll kampülobakterenteriidi tekkes

Arvestades eestlaste suurt sealih lembust ja üleüldist suurt liha tarbimist, vajavad tähelepanu uuringud, mis hindavad kampülobakteritega potentsiaalselt saastunud liha tarbimise riske inimese tervisele. Meie varasem uuring (Mäesaar jt., 2020) näitas, et Eestis esinenud kampülobakterenteriidi juhtumite peamiseks allikaks on eeskätt kanabroileritelt pärinev liha. Harvem saab kampülobakterenteriidi juhtumeid seostada veiste (k.a veiseliha), sigade (k.a sealih), metslindude ja muude allikatega.

### Kampülobakterite esinemine broileriliha tootmise ahelas

Värske linnuliha, eeskätt kanabroileriliha on kõige olulisem kampülobakterite allikas kampülobakterenteriidi tekkes (Mäesaar jt., 2020). Eesti Maaülikooli toiduhügieeni ja rahvatervise õppetoolis läbi viidud uuringud on näidanud, et kui aasta-aastalt on Eesti päritolu värske kanabroileriliha saastatus kampülobakteritega vähenenud, siis Läti ja Leedu päritolu värske kanabroileriliha on Eesti jaemüügi tasandil sageli kampülobakteritega saastunud (tabel 1).

Tabel 1. Eestis teostatud kampülobakterite uuringud jaemüügi tasandil.

Aasta	Uuring	Päritolumaa			Viide allikale
		Eesti	Läti	Leedu	
		Positiivsete proovide arv / analüüsitud proovide koguarv (positiivsete %)			
2000 ja 2002	Esinemine	44/279 (15,8)	-	-	Roasto jt., 2005
2002-2007	Esinemine	163/1320 (12,3)	-	-	Meremäe jt., 2010
2012	Esinemine	22/149 (14,8)	8/31 (25,8)	19/180 (10,6)	Mäesaar jt., 2014
	Loendamine, log10PMÜ/g	2,8	3,4	3,2	

- Proovid puudusid

Meie viimases uuringus, aastatel 2018–2019 jaemüügi tasandil kogutud kanabroileriliha proovide puhul selgus, et Eesti päritolu värskes kanabroilerilihas esines kampülobaktereid väga harva (tabel 2). Küll aga olid Läti ja Leedu päritolu värskes broileriliha Eesti jaemüügi tasandil kampülobakteritega saastunud. Uurimustulemused näitasid, et kampülobaktereid isoleeriti ühtekokku 141 (35,3%) jaemüügi tasandil kogutud värskest kanabroileriliha proovist. Nende hulgas oli Eesti päritolu *Campylobacter*-positiivseid proove vaid kaks (1,5%), Läti päritolu proove 50 (37,6%) ning Leedu päritolu proove 89 (66,9%).

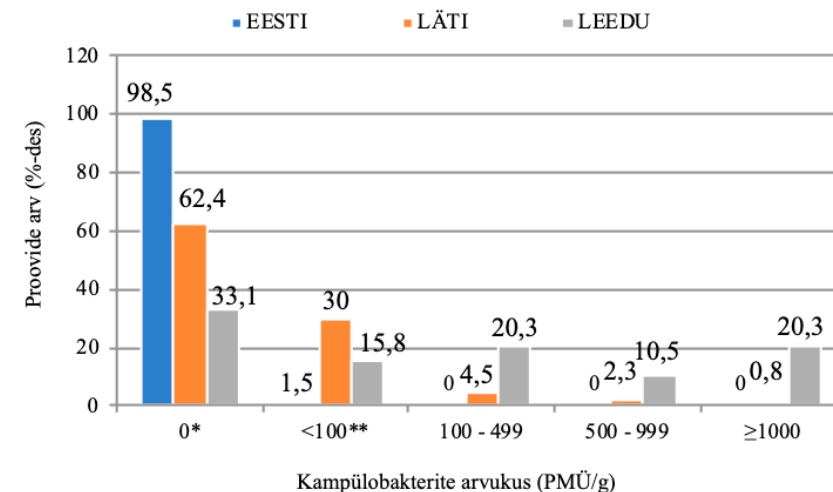
Selle põhjal saame järeldada, et uuringuperioodi jooksul kampülobaktereid Eesti päritolu kanabroilerilihas praktiliselt ei esinenud. See on seletatav efektiivsete bioohutuse ja enesekontrollimeetmete rakendamisega farmi, tapamaja ja lihatööstuse tasandil. Küll aga on kanabroileriliha importtooted Eesti jaemüügi tasandil jätkuvalt saastunud kampülobakteritega, seda eeskätt Leedu päritolu kanabroileriliha osas.

**Tabel 2.** *Campylobacter* spp. levimus kanabroileriliha proovides 2018-2019\*.

Päritolu	Proovide arv	Positiivsete proovide arv/ positiivne % (95% usaldusvahemik, positiivsete %)
Eesti	133	2 / 1,5 (0,4 – 5,3)
Läti	133	50 / 37,6 (29,8 – 46,4)
Leedu	133	89 / 66,9 (58,5 – 74,7)
Kokku	399	141 / 35,3 (30,7 – 40,3)

\* Uuring on läbi viidud Eesti Maaülikooli toiduhügieeni ja rahvatervise õppetoolis, artikkel avaldamisel

Kampülobakterite esinemise kõrval on oluline hinnata kampülobakterite kontsentratsiooni, et saada teada, kui suurt riski kujutab potentsiaalselt saastunud liha tarbimine inimese tervisele. Euroopa Toiduohutusameti (EFSA, 2013) andmetel on risk inimese tervisele suurim kampülobakterite esinemisel > 1000 PMÜ/g toote kohta, kuid osade allikate (Newell ja Wagenaar, 2000; Kothary, 2001) andmetel võib inimese tervisele ohtlikuks osutada kampülobakterite kontsentratsioon 500 PMÜ/g tootes. Aastatel 2018 ja 2019 teostatud uuringus selgus, et Leedu päritolu toodetest 20,3% sisaldas kampülobaktereid  $\geq 1000$  PMÜ/g (joonis 2). Läti päritolu toodete puhul oli see näitaja 0,8%. Võrdluseks, kahes Eesti päritolu proovis, mis osutusid *Campylobacter*-positiivseks, oli kampülobakterite kontsentratsioon alla tuvastamise piiri (<100 PMÜ/g).



**Joonis 2.** Kampülobakterite kontsentratsioon värskes kanabroilerilihas aastatel 2018-2019 (\*negatiivne tuvastamine ja negatiivne loendamine; \*\*negatiivne loendamine ja positiivne tuvastamine).

### Kampülobakterite esinemine sealiha tootmise ahelas

Kanabroilerilihaga võrreldes on vähe uuritud sealiha saastumist termofiilsete kampülobakteritega ning sigadelt pärinevate tüvede rolli inimeste kampülobakterenteriidi tekkes. Teatakse, et sead on peamisteks *Campylobacter coli* reservuaariks (Fosse jt., 2009; Yushina jt., 2020).

Kõrgest *C. coli* kandvusest tulenevalt võivad searümbad tapamajas algtootlemisel patogeenidega kergesti saastuda. Viimane tuleneb fekaalsest saastest, mida algtootlemise käigus teatud määral rümpadel esineb, kuid oluline on hoida saastemäärad nii madalad kui võimalik. Mida kõrgem on kampülobakterite kontsentratsioonid rümpadel ja lihas, seda suurem on kampülobakteritest tulenev risk rahvatervisele.

Aastatel 2015, 2017 ja 2019 on Veterinaar- ja Toiduameti poolt läbi viidud *Campylobacter* spp. riiklik seire nuumsigade umbsooleproovides (vastavalt Euroopa Komisjoni rakendusotsusele 12. november 2013, zoonootiliste ja kommensaalsete bakterite antimikroobse resistentsuse seire ja aruandluse kohta (2013/652/EL)), mis näitas, et 52% proovidest osutus *Campylobacter*-positiivseks ning kõik isoleeritud bakteritüved osutusid *C. coli*'ks (tabel 3).

**Tabel 3.** *Campylobacter* spp. esinemine nuumsigade umbsooleproovides.

Aasta*	Proovide arv	Positiivseid (%)**	Positiivsetest proovidest isoleeritud tüvi**
2015	87	33 (37,9)	<i>C. coli</i>
2017	68	20 (29,4)	<i>C. coli</i>
2019	74	66 (89,2)	<i>C. coli</i>
Kokku	229	119 (52,0)	<i>C. coli</i>

\* Veterinaar- ja Toidumeti riiklik seire vastavalt Euroopa Komisjoni rakendusotsusele 12. november 2013, zoonootiliste ja kommensaalsete bakterite antimikroobse resistentsuse seire ja aruandluse kohta (2013/652/EL); \*\* Katsed teostatud Veterinaar- ja Toidulaboratooriumis.

Paljudes Euroopa riikides on sageli täheldatud sigadel kõrget kampülobakterite levimust, kus kampülobakterite levimus on jäänud vahemikku 0–92,7% (Pezzotti jt., 2003; Avrain jt., 2004; Tadesse jt., 2011; EFSA, 2015). Aastatel 2008 kuni 2016 Lätis teostatud kampülobakterite levimusuuringu tulemusel leiti kõrgeim kampülobakterite esinemine sigade umbsoolte proovides (83,3 %) ning koguni 91,2% isoleeritud kampülobakteritest olid liigiliselt kuuluvuselt *C. coli*'d (Meistere jt., 2019).

Uuringutega on tõestatud, et sealiha on oluliseks inimeste kampülobakterinfektsiooni allikaks, seda eelkõige searümpade kõrge saastumise tõttu tapamaja tasandil (Moore jt., 2005).

### Kokkuvõte

Kampülobakterioos on Euroopa Liidus kõige sagedamini esinev loomadelt inimestele ülekanduv haigus, mistõttu võib termofiilseid kampülobaktereid arvata olulisemate toidupatogeenide hulka. Uuringute alusel leiti, et Eesti päritolu värskes broilerilihas kampülobaktereid üldiselt ei esine, kuid Läti ja Leedu päritolu värske kanabroileriliha on Eesti jaemüügi tasandil sageli saastunud. *Campylobacter* spp. antibiootikumidele resistentsuse riiklik seire näitas, et ka sealiha tootmise ahelas esineb kampülobaktereid. Tegelik levimus vajab täiendavaid uuringuid, seda nii sealiha algtootmise, töötlemise kui jaemüügi tasandil. Esinemise kõrval on kindlasti oluline hinnata kampülobakterite kontsentratsiooni, tundlikkust antibakteriaalsete ainete suhtes ning patogeensust, sest sellest sõltub inimeste haigestumise risk. Kampülobakteritega seonduvate riskide vähendamiseks on vaja tugevdada bioohutuse meetmeid farmi tasandil, vähendada rümpade fekaalset saastet tapamaja tasandil ning vältida toitade ristsaastumist jaemüügi ja tarbija tasandil.

### Kasutatud kirjandus

- Avrain, L., Vernozy-Rozand, C., Kempf, I. 2004. Evidence for natural horizontal transfer of *tetO* gene between *Campylobacter jejuni* strains in chickens. *J. Appl. Microbiol.* 97(1):134–40.
- Connor, B.A. 2020. CDC–Yellow Book 2020: Health Information for International Travel. <https://wwwnc.cdc.gov/travel/yellowbook/2020/preparing-international-travelers/travelers-diarrhea>
- EFSA, European Food Safety Authority. 2013. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2011. *EFSA Journal*, 11(4):3129.
- EFSA and ECDC, European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control. 2015. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2014. *EFSA Journal*, 13(12):4329.
- EFSA and ECDC, European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control. 2018. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. *EFSA Journal*, 16(12):05500.
- EFSA and ECDC, European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control. 2019. The European Union one health 2018 zoonoses report. *EFSA Journal*, 17(12):5926.
- Fosse, J., Seegers, H., Magras, C. 2009. Prevalence and risk factors for bacterial food-borne zoonotic hazards in slaughter pigs: a review. *Zoonoses Public Health*. 56(8):429–54.
- Kaakoush, N.O., Castaño-Rodríguez, N., Mitchell, H.M., Man, S.M. 2015. Global epidemiology of *Campylobacter* infection. *Clin. Microbiol. Rev.* 28(3):687–720.
- Kothary, M.H., Babu, U.S. 2001. Infective dose of foodborne pathogens in volunteers: a review. *J. Food Saf.* 21(1):49–68.
- Meistere, I., Kibilds, J., Eglīte, L., Alksne, L., Avsejenko, J., Cibrovskā, A., Makarova, S., Streikiša, M., Grantiņa-Ieviņa, L., Bērziņš, A. 2019. *Campylobacter* species prevalence, characterisation of antimicrobial resistance and analysis of whole-genome sequence of isolates from livestock and humans, Latvia, 2008 to 2016. *Eurosurveillance*, 24(31):1800357.

- Meremäe, K., Elias P., Tamme, T., Kramarenko, T., Lillenberg, M., Karus, A., Hänninen, M.L., Roasto, M. 2010. The occurrence of *Campylobacter* spp. in Estonian broiler chicken production in 2002–2007. *Food Contr.* 44:72–77.
- Moore, J.E., Corcoran, D., Dooley, J.S., Fanning, S., Lucey, B., Matsuda, M., McDowell, D.A., Mégraud, F., Millar, B.C., O'Mahony, R., O'Riordan, L. 2005. *Campylobacter*. *Vet. Res.* 1;36(3):35–82.
- Mäesaar, M., Tedersoo, T., Meremäe, K., Roasto, M. 2020. The source attribution analysis revealed the prevalent role of poultry over cattle and wild birds in human campylobacteriosis cases in the Baltic States. *PLoS ONE*, 15(7), e0235841.
- Mäesaar, M., Praakle, K., Meremäe, K., Kramarenko, T., Sõgel, J., Viltrop, A., Muutra, K., Kovalenko, K., Matt, D., Hörman, A., Hänninen, M.-L., Roasto, M. 2014. Prevalence and counts of *Campylobacter* spp. in poultry meat at retail level in Estonia. *Food Contr.* 44:72–77.
- Newell, D.G., Wagenaar, J.A. 2000. Poultry infections and their control at the farm level. In: *Campylobacter*. (Eds. I. Nachamkin, M.J. Blaser), Washington : American Society for Microbiology, pp. 497–509.
- Pezzotti, G., Serafin, A., Luzzi, I., Mioni, R., Milan, M., Perin, R. 2003. Occurrence and resistance to antibiotics of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* in animals and meat in northeastern Italy. *Int. J. Food Microbiol.* 82(3):281–7.
- Roasto, M., Praakle, K., Korkeala, H., Elias, P., Hänninen, M.-L. 2005. Prevalence of *Campylobacter* in raw chicken meat of Estonian origin. *Arch. Lebensmittelhyg.* 56(3):61.
- Statistikaamet, 2020. Liha ressurss ja kasutamine.  
<http://andmebaas.stat.ee/Index.aspx?lang=et&DataSetCode=PM42>  
 (allikat kasutatud: 10.01.2021)
- Tadesse, D.A., Bahnson, P.B., Funk, J.A., Thakur, S., Morrow, W.E., Wittum, T., DeGraves, F., Rajala-Schultz, P., Gebreyes, W.A. 2011. Prevalence and antimicrobial resistance profile of *Campylobacter* spp. isolated from conventional and antimicrobial-free swine production systems from different US regions. *Foodborne Pathog. Dis.* 8(3):367–374.

- Yushina, Y., Bataeva, D., Makhova, A., Zayko, E. 2020. Prevalence of *Campylobacter* spp. in a poultry and pork processing plants. *Potr. S. J. F. Sci.* 14:815–820.

---

### ***Campylobacter* spp. in the meat production chain**

*Triin Tedersoo, Mati Roasto, Jelena Sõgel, Kadriin Meremäe*

*Campylobacteriosis is a cause of common food-borne bacterial gastroenteritis in the European Union including Estonia, which is why thermophilic Campylobacter spp. can be considered one of the most important food pathogens. The presence of Campylobacter spp. in the food production chain can pose a serious threat to human health. Consumption of raw meat, raw milk and contact with farm and pet animals are considered to be main sources of infection. The greatest risk of disease comes from fresh chicken broiler meat. Very little research has been done on Campylobacter contamination of pork. Based on our research, it was found that fresh broiler chicken meat of Estonian origin has very low Campylobacter spp. contamination, but fresh chicken broiler meat of Latvian and Lithuanian origin sold at Estonian retail level is often contaminated, and at high concentrations. National monitoring of Campylobacter showed that Campylobacter spp. is present in the pork production chain, but the actual prevalence of Campylobacter at primary production (farm), processing and retail levels needs further study in Estonia.*



## Ülevaade projektist ResTA14 TAIMLOOMTOIT – Taimsete tootmisjääkide kasutamine liha- ja kalatoodete väärindamiseks ning nende säilivuse ja tervislikkuse parendamiseks

Reelika Rätsep<sup>1,2\*</sup>, Tõnu Püssa<sup>3</sup>, Mati Roasto<sup>3</sup>

<sup>1</sup>EMÜ Põllumajanduse- ja keskkonna instituut, Polli aiandusuuringute keskus

<sup>2</sup>EMÜ Veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, ERA õppetool VALORTECH

<sup>3</sup>EMÜ Veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, toiduhügieeni ja rahvatervise õppetool

\*reelika.ratsep@emu.ee

### Sissejuhatus

2020. aasta alguses kuulutas Eesti Teadusagentuur välja ResTA programmi ehk ressursside väärindamise teadus- ja arendustegevuse (TA) toetamise taotlusvooru, kuhu esitati puidu, toidu ja maapõueressurssidega seotud projektitaotlusi. Käesolevaga anname ülevaate konkursil edukaks osutunud toidu fookusteemalise TA-projekti TAIMLOOMTOIT ajenditest ja tegevustest, mille esitasid koostöös EMÜ PKI Polli aiandusuuringute keskuse ning VLI toiduhügieeni ja rahvatervise õppetooli töörühmade teadlased.

### Projekti ajend

Tarbijad usaldavad järjest enam teaduspõhiseid tervislikke madala suhkru- ja soolasisaldusega liha- ja kalatooted, mille valmistamisel on võimalikult vähe kasutatud sünteetilisi toidu lisaineid. Samal ajal tekib aiandustootmises põhitoodete valmistamisel mitmesuguseid taimseid jääke või kõrvalsaadusi (koored, pressjääk jne), milles sisalduvad tervisele kasulikud ained (nt polüfenoolid, karotenoidid) võiksid leida kasutamist loomset päritolu toiduainete väärindamisel ja parendamisel. Taimsete tootmisjääkide osakaal lõpptootes võiks olenevalt kultuurist olla isegi üle 30%. Jääke tekib nii saagi

koristamisel, puhastamisel kui ka töötlemisel. Siinkohal on mõistlik otsida keskkonnasõbralikke ja lisandväärtust loovaid variante, kohaliku taimse toidutoorme kui ressursi täielikumaks ärakasutamiseks. Üheks võimaluseks on sellise taimse materjali lisamine liha- ja kalatoodetele mikroorganismide kasvu ning rasvhapete ja kolesterooli oksüdatsiooni pidurdamiseks, millega pikeneb ka toodete säilimisaeg. Sellised uuringud on kogu maailmas hetkel väga aktuaalsed ning ka EMÜ teadlased on näiteks ERA-NET SUS-FOOD SUSMEATPRO projekti raames koostöös Rootsi, Soome, Taani ja Läti kolleegidega, leidnud, et mõnede taimede või nende segude pulbritel ja ekstraktidel (nt rabarberi juured ja varred, mustsõstar, tomat ja nende kombinatsioonid) on tugev mikroobidevastane toime nii toores kui ka kuumtöödeldud hakklihas (Raudsepp jt., 2019). Lisaks pikendas taimsete pulbrite lisamine lihatoodete oksüdatiivset säilivust ja tõstis nende sensorset kvaliteeti (Anton jt., 2019). Samuti on EMÜ teadlaste uuringud näidanud, et rasvatustatud kanepiseemne lisandiga on võimalik vähendada pihvide grillimiskadusid võrreldes puhtast sealihast valmistatud tootega (Kerner jt., 2020).

Väärib märkimist, et seni on uuritud vaid väga väikest osa Eestis kättesaadavast ja huvipakkuvast taimsest materjalist. Seetõttu ongi oluline sellealase teadus- ja arendustööga jätkata, kaasates põllumajandus- ja aiandustootjaid ning toiduettevõtteid.

### Ülevaade projekti TAIMLOOMTOIT kavandatavatest tegevustest

Projektiperiood on 01.01.2021–31.01.2023.

Põhieesmärk: Taimse toidutoorme kui ressursi täielikum ärakasutamine ja toorme töötlemisel tekkivate jääkide kasutamine aktsepteeritavate organoleptiliste omadustega väärindatud liha- ja kalatoodete valmistamiseks.

Taimse materjali valikul arvestatakse üle kogu Eesti tekkiva tootmisjäägi koguse ja selle ärakasutamise majandusliku tähtsusega, jäägi keemilise koostise ja füüsikalise-keemiliste ning tervisele kasulike omadustega ning organoleptilise sobivusega liha- või kalatoodetesse. Väärindamiseks kasutatakse liha ja kala maatriksil baseeruvaid pool- ja valmistooted, eelistades tooraine valikul Eesti liha- ja kalakäitlejate huve.



Projekti täitmisel uuritakse taimsete jääkide antimikroobsete ja antioksüdantsete komponentide fraksioneerimist ja/või eraldamist, aga ka individuaalsete ainete kasutamise võimalusi erinevates liha- ja kalatoitudes. Samuti hinnatakse bioaktiivsete ainete pärssivat toimet nii toidupatogeenide kui toiduainete riknemist põhjustavate mikroobide kasvule.

Hüpoteesid:

- valitud taimsed lisandid pidurdavad toidu mikrobioloogilist ja keemilist (eeskätt oksüdatsioonilist) riknemist, tagades toidu ohutuse ja aktsepteeritava sensoorse kvaliteedi.
- valitud lisandite hulgas leidub segusid, mis oluliselt pidurdavad letsitiinide ensümaatilist hüdrolüüsi ning sellega vabade oksüdeerimisvõimeliste rasvhapete teket liha- ja kalatoodetes.
- valitud lisanditega on võimalik suurendada vähemalt kahe aktsepteeritud lisaaine sisaldust liha- ja kalatoodetes neid aineid otseselt lisamata.

Meetodid:

- optimeeritakse ekstraktide/pulbrite valmistamise tehnoloogiad, hinnatakse saadud materjalide kvaliteeti nendes sisalduvate bioaktiivsete ühendite (nt polüfenoolide) sisalduse määramise kaudu.
- taimsete materjalidega, sh jääkidega rikastatud lihatoodete põhjalik sensoorne hindamine (maitse, lõhn, konsistents, värvus jms).
- tavandatud on nii kestvus- (säilimisaja määramine) kui ka nakkuskatsed (*Challenge*-testid), millega hinnatakse toitu inokuleeritud toidupatogeenide (nt *Listeria monocytogenes*) kasvupotentsiaali (nende kasvu pärssimist) erinevates toodetes.
- mitmel erineval meetodil uuritakse tootmisjääkides sisalduvate bioaktiivsete ainete pidurdavat toimet liha ja kala küllastamata rasvhapete oksüdatsioonile.

Esimeseks projektiaastaks on planeeritud põhiliselt laboratoorsed uuringud, teisel aastal suureneb pilootses mahus katsete osakaal liha- ja kalatootenäidistega. Terve projekti vältel kogutakse andmeid nii tulemuste publitseerimise kui ka aruandluse jaoks ning projekti viimasel kuul tehakse andme-

analüüsi kokkuvõtted, koostatakse projekti lõpparuanne ja tutvustatakse tulemusi avalikkusele.

Projekti praktilisteks väljunditeks on teaduspõhised taimse materjaliga väärindatud uudsed liha- ja kalatooted, millel on müügiptentsiaali nii sise- kui välisturul. Lisaks on olulisteks näitajateks taimse toidutoorme täielikum ärakasutamine ja täiendavad väljundid ettevõtjatele kõrgema lisandväärtusega toodete turustamiseks.

### Tänuavaldused

Projekti TAIMLOOMTOIT (F200143PKPA) elluviimist toetavad Euroopa Regionaalarengu Fond ja Eesti Teadusagentuur läbi „Ressursside väärindamise alase TA-tegevuse toetamise” programmi ResTA14.

### Kasutatud kirjandus

- Anton, D., Koskar, J., Raudsepp, P., Meremäe, K., Kaart, T., Püssa, T., Roasto, M. 2019. Antimicrobial and Antioxidative Effects of Plant Powders in Raw and Cooked Minced Pork. *Foods*. 8(12):1–18.
- Kerner, K., Jõudu, I., Tänavots, A. 2020. Taimsete ekstraktide kasutamisest lihatoodetes. *Konverentsi „Terve loom ja tervislik toit 2020“ artiklite kogumik, Tartu*, (toim. M. Kass), 4.-5. märts 2020. Tartu, Eesti Maaülikool, lk 25–31.
- Raudsepp, P., Koskar, J., Anton, D., Meremäe, K., Kapp, K., Laurson, P., Bleive, U., Kaldmäe, H., Roasto, M., Püssa, T. 2019. Antibacterial and antioxidative properties of different parts of garden rhubarb, blackcurrant, chokeberry and blue honeysuckle. *J. Sci. Food Agric.*, 99:2311–2320.
- SUSMEATPRO “Sustainable plant ingredients for healthier meat products - proof of concepts” project homepage, <https://sites.google.com/site/susmeatpro/home>

*Use of plant-based bioactive components to increase the durability and healthiness of meat and fish products (ResTA project TAIMLOOMTOIT)*

Reelika Rätsep, Tõnu Püssa, Mati Roasto

Consumers demand for scientifically proven healthy and tasty meat and fish products with low or no synthetic food additive contents is one of the drivers in the search for alternatives. Various plant residues, which contain substances that have the potential to inhibit the growth of micro-organisms and the oxidation of fatty acids and cholesterol, are so far under-used. The current project TAIMLOOMTOIT is designed to implement complex research in order to find out if, and how, selected plant materials can be used for the enrichment of Estonian local fish and meat products. This study is supported by European Regional Development Fund and the Estonian Research Council via project RESTA14.

## **Fermenteeritud piimatoodete taimsete alternatiivide arenduses kasutatavate valgupulbrite lahustuvusomaduste uurimine**

Natalja Part\*, Tiina Krisciunaite, Maret Viirma, Helen Vaikma, Mary-Liis Kütt

Toidu- ja Fermentatsioonitehnoloogia Arenduskeskus

\*natalja@tftak.eu

Tänapäeval on turul leida erinevaid piimatooted asendavaid taimseid alternatiive, nagu fermenteeritud taimsed joogid ja juustu asendavad taimsed tooted, kuid mitmed nendest on madala toiteväärtusega. Tihtipeale puuduvad neis ka inimorganismi tervislikuks talitluseks vajalikud toitained nagu valk ja kiudained. Piimatoodete taimsete alternatiivide valgu sisalduse tõstmiseks on võimalik lisada taimseid valgu kontsentraate või isolaate, mis esmapilgul tundub olema lihtne ülesanne. Reaalsuses erinevad kommertsiaalsed valgupulbrid üksteisest nii osakeste suuruse, lahustuvusomaduste kui ka kõrvalmaitsete esinemise poolest, mis raskendab optimaalse valiku tegemist ning hea maitseomadustega ja kõrge toiteväärtusega toote saamist. Lahustumatu valgupulbri osa tekitab tootes jahust tunnet suus, mis langetab tarbijapoolset vastuvõetavust. Meeldiva tekstuuri ja maitsega toodete saamiseks on oluline hinnata valgupulbrite lahustuvust nii neutraalses kui ka happelises keskkonnas, ehk fermenteerimata ja fermenteeritud tooteid silmas pidades. Happelises keskkonnas on valgupulbrite lahustuvus madalam võrreldes neutraalse keskkonnaga, mis omakorda raskendab taimepõhiste hapendatud toodete (jogurti, hapukoore ja juustu taimsed alternatiivtooted) toiteväärtuse tõstmist taimse valgu rikastamise teel. Antud töö eesmärk oli uurida erinevate valgupulbrite lahustuvust happelises ja neutraalses keskkonnas ning võrrelda saadud tulemusi juuretise kultuuridega fermenteeritud ja fermenteerimata valgupulbri lahuste sensoorse hindamise tulemustega.

Tulemused näitasid, et valgupulbrite lahustuvus varieerub suurtes piirides, ent sensoorse paneeli võimekus eristada erineva lahustuvusega pulbrite vesilahuseid neutraalses keskkonnas on üsna piiratud. Uuring näitas, et pulbrite lahustuvuse ja juuretisega fermenteeritud toodete jahususe tunnetuse vahel esineb keeruline seos. Lisaks lahustuvusele on olulised ka valgupulbri osakeste suurus, osakeste agregatsioon ning juuretisbakterite võime panustada fermenteeritud toodete tekstuurile eksopolüsahhariidide tootmise näol, mis võib teralist suutunnet peita.

### Tänu sõnad

Uuringut rahastati Euroopa Regionaalarengu Fondi ja Eesti Teadusagentuuri vahenditest RESTA16 projekti raames.

### *Solubility of plant-based proteins in development of fermented dairy alternatives*

Natalja Part, Tiina Kriščiunaite, Maret Viirma, Helen Vaikma, Mary-Liis Kütt

*The growing demand for substitution of dairy products has led to the development of new alternatives from plant materials. However, the plant-based dairy alternatives are poor in taste and nutritional composition, lacking mainly the required protein content. Addition of plant-based protein concentrates and isolates could increase the protein content and improve the nutritional value. The aim of the project was to test the solubility of plant-based protein powders at neutral and acidic pH, to simulate the production of non-fermented and fermented dairy alternatives. The results showed that at low pH the protein particles aggregate and cause a grainy mouthfeel of the product. A possible solution could be a fermentation of plant protein powders with exopolysaccharide-producing starter cultures, which increases the viscosity and therefore masks the graininess in the fermented plant-based dairy alternatives.*

## Idandatud terade mikrobioloogiliste ja keemiliste parameetrite kaardistamine

Anna Traksmäe<sup>1,2\*</sup>, Ksenia Šestopalova<sup>1,2</sup>, Aili Kallastu<sup>1</sup>, Marina Junusova<sup>1</sup>, Julia Rosend<sup>1,2</sup>, Raivo Vilu<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Toidu- ja Fermentatsioonitehnoloogia Arenduskeskus

<sup>2</sup>Tallinna Tehnikaülikool, Keemia ja biotehnoloogia instituut

\*anna@tftak.eu

Idandatud terad on maitsev ja tervislik tooraine pagaritoodete valmistamiseks. Tänu bioaktiivsetele komponentidele (vitamiinid, polüfenoolid, antioksidandid) ja unikaalsetele sensorsetele omadustele ning mahlasusele on idandatud terad väärtuslik lisand rikastamiseks erinevaid küpsetisi. Siiski tuleb idandatud terasid säilitada ja transportida jahedas (+2...+6°C). Projekti eesmärgiks oli selgitada tooraine kvaliteedi, idandamise režiimide ning pakkematerjalide mõju idandatud terade säilivusele ning optimeerida tehnoloogiat, mis võimaldaks pikendada toote säilivust toatemperatuuril kuni kuus kuud. Eesmärgi saavutamiseks kaardistati tööstuslikult idandatud rukki-, nisu- ja kaeraterade mikrobioloogilised ja keemilised parameetrid.

Metagenoomse analüüsi tulemused näitasid, et teradel domineerivate mikroorganismide liigikus muutub tehnoloogilise protsessi jooksul. Algeterades domineerisid *P. agglomerans*, *P. dispersa*, *E. mallotivora* ja *E. psidii*. Idandatud, kuumtöödeldud ja pakendatud terades domineerisid elusate bakterite seas *Bacillus* spp. perekonda kuuluvad bakterid. Idandatud rukkiteradel identifitseeriti *B. coagulans*, *B. subtilis*, *B. cereus* ja ka *Pseudomonas* perekonda kuuluvad bakterid. Idandatud nisuteradel domineerisid *Pseudomonas*, *B. smithii* ja *B. coagulans* bakterid. Kaerateradel leiti peale idandamist lisaks *B. coagulans* bakteritele ka termofiilset piimhappebakterit *L. delbrueckii*.

Idandamise käigus toimus kogu kiudainete, k.a fruktaanide, beta-glükaanide sisalduse vähenemine võrreldes algeteradega kuni 40% ning seda tänu ensümaatilise aktiivsuse suurenemisele. Tähtsuse ja kiudainete hüdroolüüsil moodustunud suhkrud on hea substraat mikroorganismide kasvuks, nii tööstusliku idandamise protsessi vältel kui ka säilivusaja jooksul. Sõltuvalt terade tüübist suurenes suhkrute kogus võrreldes algeteradega kuni 30 korda.

Orgaaniliste hapete sisalduse tõus viitab mikroobide kasvule idandamise käigus. Idanemisel intensiivistub ka proteiinide hüdroolüüs, mille tagajärjel vabade aminohapete summaarne sisaldus suurenes ligi kuus korda. Bioaktiivsete ühendite – vitamiinide ja polüfenoolid – sisaldused olid idandatud terades kolmandiku võrra suuremad kui algterades.

Gaasikromatograafia-massispektromeetria (GC/MS) analüüsi rakendati kvaliteetse ja defektsete idandatud terade aroomiprofiili kaardistamiseks. Suuremaid muutusi täheldati kõrgeima mikrobioloogilise arvukusega idandatud kaeraterade aroomiprofiilis. Hapete ja alkoholide suurenenud sisaldused viitavad mikrobioloogilistele muutustele ja protsessidele. Lisaks lenduvad värske proovi säilitamisel idandatud teraviljale omased aroomiühendid (küpsed, karamell, jne.) ning lõpptootes lõhnaprofiil muutub seega ajas vaesemaks.

Projekti järgmiste etappide eesmärgiks on uurida erinevate pakendite mõju idandatud terade säilivusele nii jahelaos kui ka toatemperatuuril.

## Tänu sõnad

Katset rahastati PRIA MAK meetme 16.2 projekti „Idandatud rukki-, nisu-, kaera- ja tatraterade mikrobioloogilise kvaliteedi parandamise tehnoloogiaarendus ja säilivusaja pikendamine (projekti nr. 16219790093)“ raames.

## Microbiological and chemical quality parameters of sprouted grains

Anna Traksmäa, Ksenia Šestopalova, Aili Kallastu, Marina Junusova, Julia Rosend, Raivo Vilu

*Sprouted grains are rich in bioactive compounds such as vitamins, antioxidants, phenols that are beneficial for human health and are delicious addition to various bakery products. Unfortunately, the shelf-life of these moist and sweet products is limited, and sprouted grains need to be stored at +2...+6°C. The main aim of the project is to extend the shelf-life of sprouted grains to 6 months at room temperature. Preliminary results show that one source of spoilage could be the microbiological consortia found in the final product. The dominating bacterial species on various sprouted grains are fermenting lactic acid bacteria and Bacillus spp species. The further steps in the project will explore various packaging materials, which can reduce the viability of microorganism during shelf-life.*

## Polüfenoolid õuntes

Dea Anton<sup>1\*</sup>, Linda Rusalepp<sup>1</sup>, Reelika Rätsep<sup>2,3</sup>, Hedi Kaldmäe<sup>2</sup>, Uko Bleive<sup>2</sup>, Mati Roasto<sup>1</sup>, Tõnu Püssa<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, toiduhügieeni ja rahvatervise õppetool

<sup>2</sup>EMÜ põllumajandus- ja keskkonnainstituut, Polli aiandusuuringute keskus

<sup>3</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, ERA õppetool VALORTECH

\*dea.anton@emu.ee

## Sissejuhatus

Õunad on ühed vähestest puuviljadest, mis heades hoiutingimustes võivad säilida üle talve, ilma et nende kvaliteet oluliselt langeks (Masso, 1985). Õuna toiteväärtus sõltub paljuski sordist, küpsusastmest, agrotehnikast, ilmastikust, koristamis- ja säilitamistehnoloogiast. Õunad on veerikkad, 85–90% moodustab vesi. Suhkrutest sisaldavad õunad peamiselt fruktoosi, vähemal määral sahharoosi ja glükoosi (Eskla jt., 1999). Õuntes leidub vähesel määral nii vesi- kui rasvlahustuvaid vitamiine. Oluline on C-vitamiini sisaldus, mis varieerub sortidel 8–26 mg% (eestimaistes keskmiselt 13 mg%), siinjuures väidetakse, et heades säilitamistingimustes C-vitamiini sisaldus mitte ei vähene, vaid suureneb (Eskla jt., 1999).

Õunas leidub ka mitmeid inimese tervisele kasulikke fütokeemikaale nagu karotenoidid ja polüfenoolid, millest paljud toimivad antioksüdantidena (Vendruscolo jt., 2008). Polüfenoolid on suur rühm looduslikult esinevaid orgaanilisi ühendeid, mille hulka kuuluvad fenoolsed happed, flavonoidid, stilbeenid ja lignaanid. Need jagatakse omakorda alamrühmadeks: fenoolsed happed – hüdroksütsinnaam- ja hüdroksübensoehapped; flavonoidid – kalkoonid, flavoonid, flavonoolid, flavanoolid, flavanoonid, isoflavoonid, proantotsüanidiinid ning antotsüanidiinid. Üldiselt on õuna koostises polüfenoolide sisaldus suurem kui viljalihas. Kuna ka teisi

bioaktiivseid sekundaarseid metaboliite leidub rohkem kooses, siis on kasulik värskeid õunu süüa koos koorega. Põhilised fenoolsed ühendid õuntes on floridsiin, kvartsitriin (kvartsetiini 3-*O*-ramnosiid), katehhiinid, klorogeenhapped, kvartsetiini 3-galaktosiid ja kvartsetiin (Mainla jt., 2011). Samas kui ühte polüfenoolide rühma, flavonoolide, leidub märgatavalt rohkem koortes, siis näiteks klorogeenhappeid ja flavonoolide epikatehhiini ja katehhiini leidub võrreldaval määral ka viljalihases. Ka dihidrokalkoon floretiini ja floridsiini sisaldub rohkem koortes kui viljalihases (Zielińska ja Turemko, 2020). Punaseviljaliste õunasortide koore või ka viljaliha värvivad punaseks antotsüaniinid, neist tsüanidiini 3-galaktosiidi leidub õuntes kõige rohkem. Enamasti on antotsüaniinid koore pealmistes kihtides. Vähestel sortidel, nagu 'Suislepp', võib viljalihases esineda punaseid viirge või ka üleni roosakat värvust (Masso, 1985).

Õunte tööstuslikul töötlemisel tekkinud pressjääd, sisaldades paljusid kasulikke bioaktiivseid aineid, on paljudele teadlastele uurimisobjektiks kuidas antud toorainet paremini kasutada (Vendruscolo jt., 2008). Polüfenoolide sisaldust erinevate õunte pressjääd on uurinud Radenkova jt., (2020).

Käesolev uurimus põhineb kahe projekti temaatikal, millest esimene käsitleb looduslike bioaktiivsete ainete uurimist taimses tooraines ning teine tegeleb lihatoitude väärindamisega taimsete lisandite abil. Polüfenoolide määramine õuntes on taimsete toorainete väärindamise projekti eelkatse, mille eesmärgiks oli saada lühikärgvaade polüfenoolide sisaldusest erinevate õunasortide koortes ja viljalihases, võrrelda kollakas-roheliste ja punaste õunasortide koorte ja viljaliha fenoolsete ühendite sisaldust ja antioksüdantseid omadusi ning tulemusena valida välja sordid, mille koori, viljaliha või pressjääke kasutada toorainena uute toodete väljatöötamisel loomse toidutoorme väärindamiseks.

### Uurimistöö metoodika

Kõik analüüsitud õunad olid kasvatatud Eesti Maaülikooli Polli aiandusuuringute keskuse kollektsioonaedades. Valikus oli üks rohekas-kollase koorega hästituntud talisort 'Antonovka' ning kolm

punase koorega vähemtuntud sorti 'Kaimo', 'Kerr' ja 'Nitschneri maasikõun'.

Õunasordi 'Antonovka' vili on suuruselt üle keskmise; kujult ümar või laikooniline; värvuselt valkjasroheline kuni valkjaskollane, ilma punata; valge viljalihaga, omapärase magus-hapu maitsega (Eskla jt., 1999). Sügissort 'Kaimo' on keskmise suurusega, ümmargune, põhivärvuselt rohekas, osaliselt või üleni tugeva punase kattevärvusega, valge viljalihaga, magusa maitsega lauaõun (Kask, 2010; Eesti Maaülikooli sordivaramu). Väikeseviljaline õunasort 'Kerr' on pikliku kujuga, üleni tumepunase värvusega, heleda viljalihaga, magusa ja iseäraliku hapuka maitsega. Sügissort 'Nitschneri maasikõun' on keskmise suurusega, ümmargune, koor ning ka viljaliha on kirsipunase värvusega, maitset hapukas.

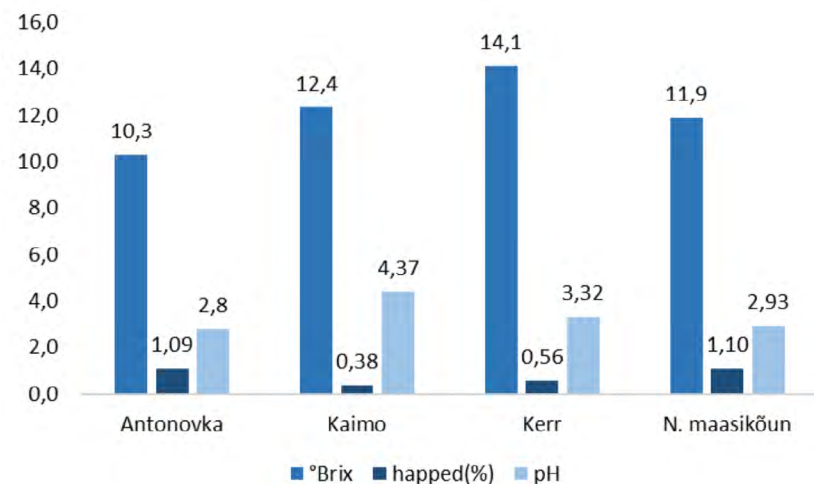
Analüüsiks ettevalmistamisel õunad kooriti ning lõigati õhukesteks ratasteks. Kasutades Moster Hulda õunakoorijat-viilutajat saadi õhukesed koored ja ühtlase paksusega viilud; südamikud ja seemned eemaldati. Proovid kuivatati Binder FED 115 kuivatuskapis 45 °C juures, peenestati kohviveski abil pulbriks, uuritavad ained ekstraheeriti kahe erineva kontsentratsiooniga etanooli vesilahusega. Analüüsimisel kasutati refraktomeetrilisi, spektrofotomeetrilisi ning vedelikkromatograaf-mass-spektromeetrilisi meetodeid.

### Tulemused

#### *Lahustunud kuivaine, hapete ja pH määramine*

Õunte mahlast mõõdeti lahustunud kuivaine (°Brix) ja hapete sisaldus Atago refraktomeetriga PAL BX/ACID ning pH väärtused pH-meetriga Consort C833. Saadud tulemused (joonis 1) olid analüüsitud õunasortidele sordiomased. Sügis- ja talisortide, aga ka väikeseviljaliste õunte puhul on kõrgem hapete sisaldus ja madalam pH väärtus olulised nendest valmistatavate toodete stabiilsuse ja säilivuse seisukohast (Rätsep jt., 2020). Kirjanduse andmetel moodustab hapete üldsisaldusest õunas 70% õunhape, 17% sidrunhape, 6–7% merivaikhape, jääkidena oblik- ja salitsüülhape. Magusamaitsetel sortidel on happesus keskmiselt 0,24%, hapudel õunel 1,42% (Eskla jt., 1999).



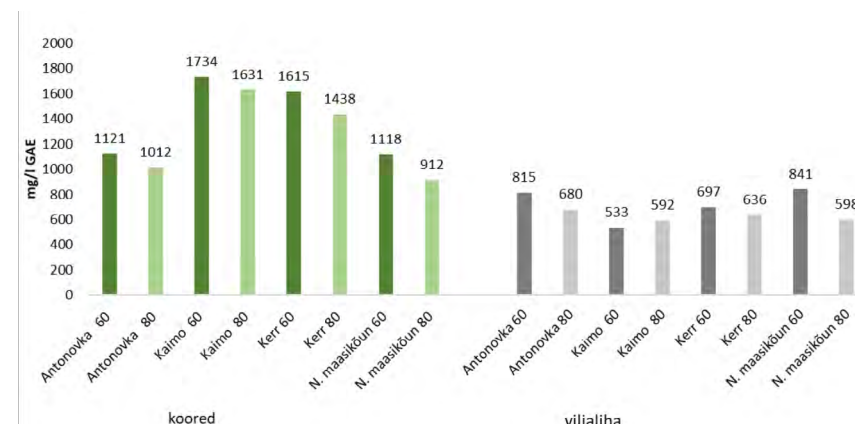


**Joonis 1.** Lahustunud kuivaine (°Brix) ja hapete sisaldus ning pH väärtused õuna mahlas.

Lahustunud kuivaine (põhiliselt suhkrute) sisalduste tulemused kahanevas järjekorras olid 'Kerr' > 'Kaimo' > 'Nitschneri maasikõun' > 'Antonovka'. Kuigi kõige kõrgem suhkrute sisaldus oli sordil 'Kerr', tundus sort 'Kaimo' maitset magusam. Magus maitse võimendus, sest sort 'Kaimo' sisaldas kõige vähem happeid. Võrreldes teiste sortidega oli hapete sisaldus kaks korda kõrgem sortides 'Antonovka' ja 'Nitschneri maasikõun'. Tulenevalt kõrgemast hapete sisaldusest olid ka pH väärtused nendel sortidel madalamad.

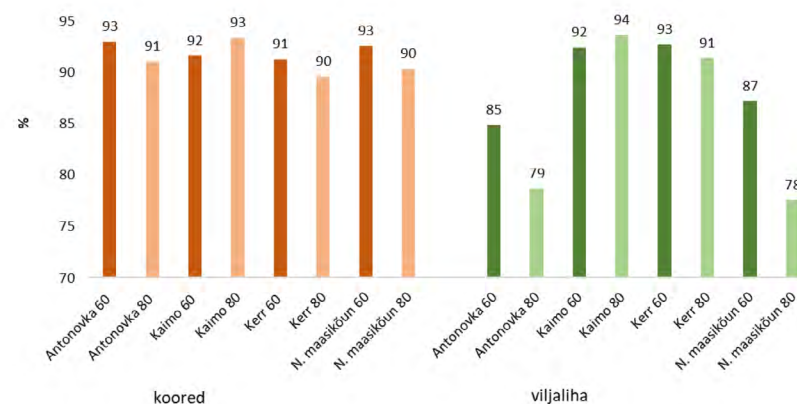
### Spektrofotomeetrilised meetodid

Õuna koorte ja viljaliha pulbrid ekstraheeriti 60% ja 80% etanooli lahustes ning fenoolsete ühendite üldsisaldused määrati Folin-Ciocalteu meetodil.



**Joonis 2.** Fenoolsete ühendite üldsisaldus õuna koorte ja viljaliha 60% ja 80% etanooliekstraktides (GAE - gallushappe ekvivalentides).

Tulemused (joonis 2) näitasid, et fenoolsete ühendite üldsisaldused olid kõrgemad 60% etanooliekstraktides ning õunte koortes kõrgemad kui viljalihas. Neljast õunasordist kahe, 'Kaimo' ja 'Kerr' koortes olid sarnaselt kõrgemad ning sortide 'Antonovka' ja 'Nitschneri maasikõun' koortes samaväärselt madalamad fenoolsete ühendite sisaldused. Viimaste sortide koortes oli küll fenoolsete ühendite üldsisaldus väiksem, samas viljalihas veidi suurem kui teistel sortidel.

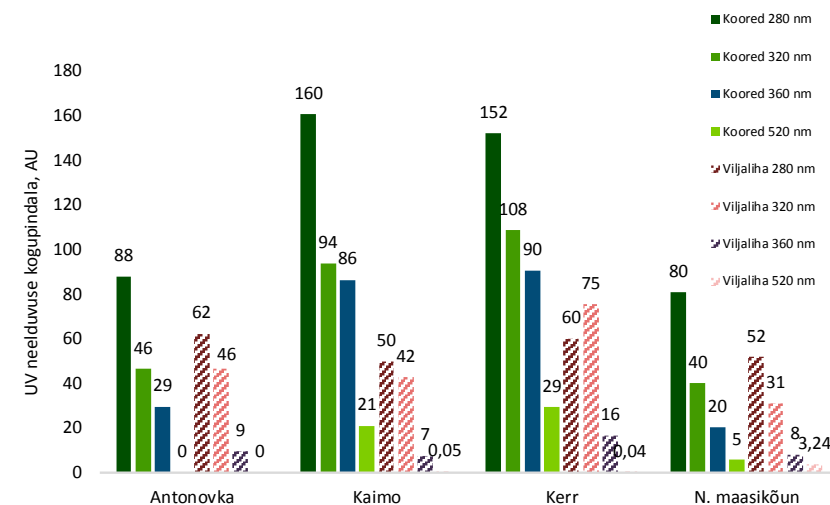


**Joonis 3.** Õuna koorte ja viljaliha 60% ja 80% etanooliekstraktide antioksidantsete omaduste hindamine DPPH vaba radikaali sidumisvõime kaudu.

Ekstraktide antioksidantsete omaduste hindamiseks kasutati spektrofotomeetrilist stabiilse vaba radikaali difenüül-pikrüülhüdrasüüli (DPPH) sidumise meetodit. Reaktsiooni käigus antioksidantsed ühendid loovutavad ühe vesiniku aatomi, seovad DPPH radikaali ning lahuse lillakas värvus muutub kollaseks. Värvuse muutusi mõõdetakse neeldumisega lainepikkusel 517 nm ühe tunni jooksul iga 10 minuti järel. Analüüsi tulemused näitasid, et 60. minutiks oli kõikides ekstraktides reaktsioon jõudnud lõpule ning suuri antioksidantsuse erinevusi rohelise või punaste koorte ekstraktide vahel ei olnud. Samas aga täheldati, et sortide 'Antonovka' ja 'Nitschneri maasikõun' puhul toimusid värvimuutused aeglasemalt, millest võib järeldada, et nad sisaldasid rohkem aeglaselt reageerivaid antioksidantseid ühendeid. Viljaliha ekstraktide reaktsiooni tulemused näitasid kõige madalamat antioksidantsuse võimet suureviljalisel sordil 'Antonovka' ja üllatavalt ka punaka viljalihaga sordil 'Nitschneri maasikõun'. Zielińska ja Turemko (2020) katsete tulemused näitasid, et õuntes leiduvate fenoolsete ühendite vabade radikaalide sidumise võime kahaneb järjekorras kvertsetiin > tsüanidiin 3-galaktosiid > rutiin (kvertsetiin rutinosiid) > katehhiin > klorogeenhape ning antioksidantse aktiivsuse rea lõppu jäävad floretiin ja floridsiin.

### Kromatograafilised meetodid

Vedelikromatograafilistel analüüsidel õuna koorte ja viljaliha 80% etanooliekstrakte lahutati pöördfaaskolonnil ning analüüsiti UV-Vis detektori (Agilent Technologies 1290 Infinity) ja massispektromeetri 6540 UHD Accurate-Mass Q-TOF LC/M (Agilent Technologies) abil. Ekstraktide neelduvus määrati lainepikkustel 280, 320, 360 ja 520 nm (joonis 4). Massispektromeeter töötas negatiivse ionisatsiooni režiimis. Polüfenoolide identifitseerimiseks kasutati iseloomulikke retentsiooniaegu, UV neelduvuse spektreid ning massi-laengu suhteid koos lähteioonide fragmenteerumise mustritega (tabel 1). Ainete täpset kontsentratsiooni ei määratud, vaid võrreldi suhtelisi sisaldusi erinevates sortides ja vilja osades.



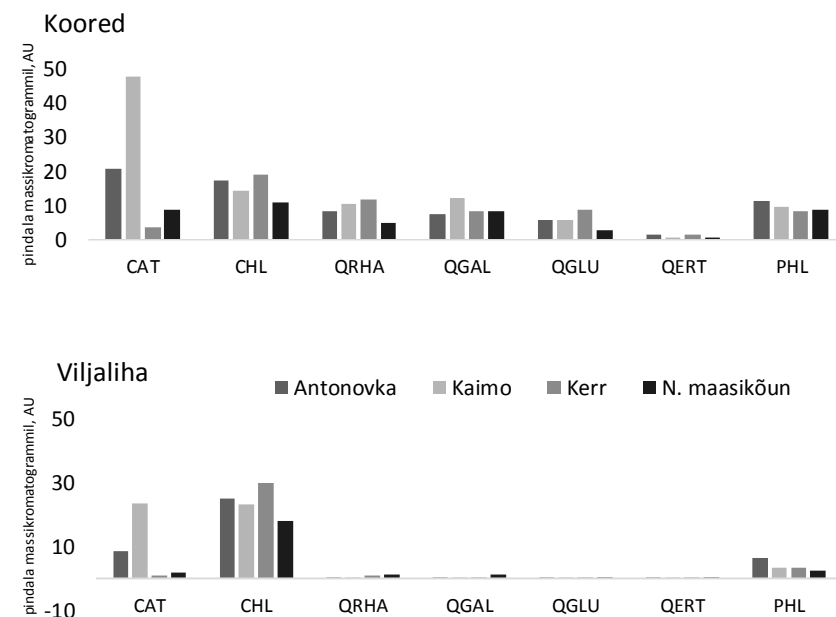
**Joonis 4.** Õuna koorte ja viljaliha 80% etanooliekstraktide fenoolsete ühendite sisalduse hindamine UV neelduvuse järgi lainepikkustel 280, 320, 360 ja 520 nm. (AU- arbitrary unit)

Määratud ühenditest neelavad 280 nm juures kõige enam flavanoolid ja dihidrokalkoonid, 320 nm juures hüdroksütsinnaamhapped, 360 nm juures flavonoolid ning 520 nm juures antotsüaniinid (tabel 1). Sordid 'Kaimo' ja 'Kerr' näitasid tunduvalt paremaid tulemusi kui sordid 'Antonovka' ja 'Nitschneri maasikõun'. Sordi 'Antonovka' koortes ja viljalihas ei leitud punaseid pigmente antotsüaniine, sellest ka 0-väärtused lainepikkusel 520 nm (joonis 4), samas punasekooreliste õunasortide 'Kaimo' ja 'Kerr' koortes oli tunduvalt kõrgemad näitajad kui sordil 'Nitschneri maasikõun'. Õunte viljalihadest oli ainsana punase värvitooniga sort 'Nitschneri maasikõun', mida tunnistas neelduvusnäit 520 nm juures, ning massispektromeetriga identifitseeritud aine tsüanidiini 3-galaktosiid (tabel 1).

Identifitseeritud 26 ühendist (tabel 1) valiti seitse massikromatogrammi piigipindala järgi kõrgema sisaldusega ühendit ning võrreldi nende kontsentratsioone kõigi sortide viljade kooses ja viljalihades (joonis 5).

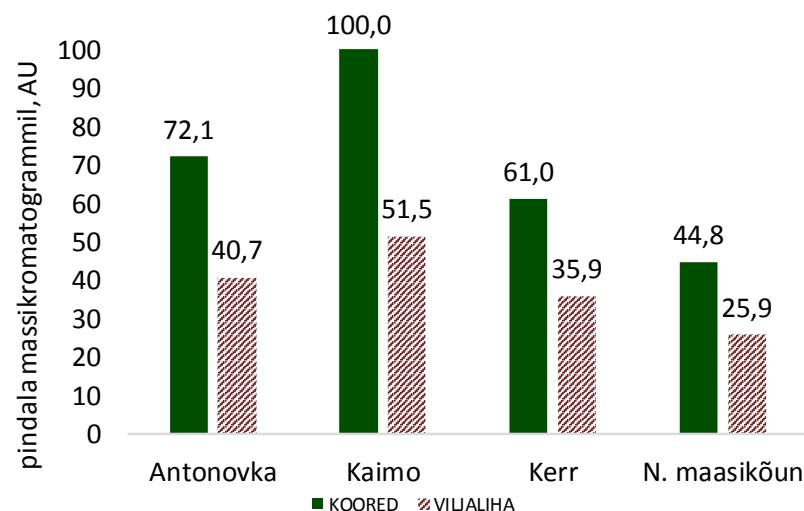
**Tabel 1.** Õunakoorte 80% etanooliekstraktist vedelikkromatograafiliselt massispektromeetriselt identifitseeritud ühendid sordi 'Kaimo' varal. RT – retentsiooniaeg minutites, m/z – pseudomolekulaariooni massi-laengu suhe, UV abs. – neelduvuse maksimum (nm).

RT	m/z	Aine nimetus	UV abs. (nm)
<b>Hüdroksütsinnaamhapped</b>			
3.50	353.0873	Klorogeenhape (kafeoüülkiinahape)	320
3.52	353.0873	Klorogeenhape (kafeoüülkiinahape)	320
4.14	337.0923	Kumarüülkiinahape	320
4.73	337.0923	Kumarüülkiinahape	320
<b>Flavanoolid</b>			
3.31	289.0712	Katehiin	280
4.59	289.0712	Epikatehiin	280
4.00	577.1346	Protsüanidiini dimeer	280
4.17	577.1346	Protsüanidiini dimeer	280
7.21	577.1346	Protsüanidiini dimeer	280
3.69	865.1980	Protsüanidiini trimeer	280
5.30	865.1980	Protsüanidiini trimeer	280
7.80	451.1240	Katehiini glükosiid	280
<b>Flavonoolid</b>			
9.27	447.0927	Isoramnetiini 3-ksülosiid	360
9.56	447.0927	Isoramnetiini 3-arabinosiid	360
10.59	301.0348	Kvertsetiin	360
7.55	433.0771	Kvertsetiini 3-ksülopüranosiid	360
7.73	433.0771	Kvertsetiini 3-ksülofuranosiid	360
7.98	433.0771	Kvertsetiini 3-arabinopüranosiid	360
8.13	433.0771	Kvertsetiini 3-arabinofuranosiid (avikulariin)	360
8.26	447.0927	Kvertsetiini 3-ramnosiid (kvertsiin)	360
7.01	463.0877	Kvertsetiini 3-galaktosiid	360
7.23	463.0877	Kvertsetiini 3-glükosiid	360
7.83	607.1299	Kvertsetiini 3-[6''-(3-hüdroksü-3-metüülglutarüül)galaktosiid]	360
<b>Dihüdrokalkoonid</b>			
9.05	435.1291	Floridsiin	280
8.20	567.1714	Floreitiini ksülosüül-galaktosiid	280
<b>Antotsüaniinid</b>			
3.92	447.0927	Tsüanidiini 3-galaktosiid	520



**Joonis 5.** Fenoolsete ühendite sisaldus õuna koorte ja viljaliha 80% etanooliekstraktides massikromatogrammide järgi. CAT – katehiinid, CHL – klorogeenhapped, QRHA – kvertsetiin 3-ramnosiid, QGAL – kvertsetiin 3-galaktosiid, QGLU – kvertsetiin 3-glükosiid, QERT – kvertsetiin, PHL – floridsiin, (AU – *arbitrary unit*).

Nii koortes kui ka viljalihas leidis enim katehiini ja klorogeenhappeid. Tugeva antioksidandi, katehiini sisaldus oli koortes kaks korda suurem kui viljalihas, samas kui klorogeenhappeid oli ligikaudu poolteist korda rohkem just viljalihas. Eriti paistis silma sort 'Kaimo', kus nii koortes kui ka viljalihas oli katehiini sisaldus üle viie korra kõrgem kui sortides 'Kerr' ja 'Nitschneri maasikõun' ning kaks korda kõrgem kui sordis 'Antonovka'. Kvertsetiini derivaate sisaldus peamiselt koortes, viljalihas sisaldus neid väga vähesel määral. Kvertsetiini derivaate sisaldus enam sortide 'Kaimo' ja 'Kerr' viljade koortes, mida näitab ka kõrgem neelduvus 360 nm juures (joonis 4). Floridsiini oli koortes ligi kaks korda rohkem kui viljalihas, kuid sisalduse poolest sordid ei eristunud.



**Joonis 6.** Summaarne fenoolsete ühendite sisaldus õuna koorte ja viljaliha 80% etanooliekstraktides massikromatogrammide järgi. (AU – *arbitrary unit*).

Summaarselt oli kõige suurem fenoolsete ühendite sisaldus sordis 'Kaimo' (joonis 6). Joonis väljendab ilmekalt suurt erinevust fenoolsete ühendite sisaldusest õunte koortes ja viljalihas, samuti sortidevahelisi erisusi. Massikromatograafiliselt saadud fenoolsete ühendite sisaldused korreleerusid ka Folin-Ciocalteu meetodil saadud tulemustega (joonis 2).

### Kokkuvõte

Kõigi uuritud õunasortide korral oli viljade koortes polüfenoolide summaarne sisaldus kõrgem kui viljalihas. Neljast õunasordist kolme viljad olid punasekoorelised, kuid mitte kõigi kolme viljad ei olnud polüfenoolirikkamad roheline koorega sordi viljadest. Sortide 'Antonovka' ja 'Nitschneri maasikõun' viljad oli sarnaselt tagasihoidlike näitajatega, jättes paremate näitajatega silma paistma sordid 'Kaimo' ja 'Kerr'.

### Tänuõnad

Käesolev uuring on teostatud EMÜ baasfinantseeritava projekti P180279VLTR "Looduslike bioaktiivsete ainete toime ning seonduvate mehhanismide uurimine toidumaatriksites" ning Euroopa Regionaalarengu Fondi ja Eesti Teadusagentuuri projekti F200143PKPA „Ressursside väärdamise alase teadus- ja arendustegevuse toetamise, RESTA14, „Taimsete tootmisjääkide bioaktiivsete komponentide kasutamine loomsete toiduainete säilivuse ja tervislikkuse suurendamiseks või loomsete toitade väärdamiseks (TAIMLOOMTOIT)” raames.

### Kasutatud kirjandus

- Eesti Maaülikooli sordivaramu, õun Kaimo  
<http://sordivaramu.emu.ee/sort2.php?id=687> (Allikat kasutatud: 14.01.2021.)
- Eskla, V., Haak, E., Hiiesaar, K., Järv, H., Kask, K., Karp, K., Lamp, L., Lauk, Ü., Marrandi, M., Martinsson, M., Metspalu, L., Miller, V., Niiberg, T., Värnik, R. 1999. Õun aias ja köögis. Maalehe Raamat, Tallinn, 176 lk.
- Kask, K. 2010. Puuviljandus Eestis. Sordid ja aretajad, Tartu, Eesti Maaülikool, lk. 59
- Mainla, L. Moor, U., Karp K., Püssa, T. 2011. The effect of genotype and rootstock on polyphenol composition of selected apple cultivars in Estonia. *Žemdirbystė*. 98:63–70.
- Masso, S. 1985. Õunaraamat. Tallinn, Valgus, 160 lk.
- Radenkovs, V., Püssa, T., Juhnevica-Radenkova, K., Kviesis, J., Salar, F.J., Moreno, D.A., Drudze, I. 2020. Wild apple (*Malus* spp.) by-products as a source of phenolic compounds and vitamin C for food applications, *Food Biosci.* 38:100744.
- Rätsep, R., Volens, K., Haas, K. 2020. Siidri valmistamiseks sobivad õunasordid. M. Alaru (Toim.). *Agronomia*, 236–242.
- Zielińska, D., Turemko, M. 2020. Electroactive Phenolic Contributors and Antioxidant Capacity of Flesh and Peel of 11 Apple Cultivars Measured by Cyclic Voltammetry and HPLC–DAD–MS/MS. *Antioxidants*, 9:1054.
- Vendruscolo, F., Albuquerque P.M., Streit F., Esposito, E., Ninow, J.L. 2008. Apple Pomace: A Versatile Substrate for Biotechnological Applications. *Crit. Rev. Biotechnol.* 28:1–12.

---

### ***Polyphenols in apple***

*Dea Anton, Linda Rusalepp, Reelika Rätsep, Hedi Kaldmäe, Uko Bleive, Mati Roasto, Tõnu Püssa*

*In this study, apple peel and flesh of four, one green and three red-fruited, cultivars were analysed by spectrophotometric and HPLC-DAD-MS/MS methods in order to get an overview of the polyphenols profile, contents and antioxidant capabilities. In all studied cultivars, the results showed higher total content of polyphenols in peels, but as cultivars are different, not all red-fruited cultivars had higher total content of polyphenols in peels and flesh than the cultivar with green fruits. In conclusion, cultivars 'Kaimo' and 'Kerr' showed better results in comparison with cultivars 'Antonovka' and 'Nitschneri maasikõun' ('Nitschners Erdbeerapfel').*

**TERVE LOOM**



## Endeemiliste nakkushaiguste levimus ja seos lehmade eluea pikkuse ning praakimismääraga Eesti suurtes piimaveisekarjades

Triin Rilanto<sup>1\*</sup>, Dagni-Alice Viidu<sup>1</sup>, Toomas Orro<sup>1</sup>, Arvo Viltrop<sup>2</sup>, Kerli Mõtus<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, kliinilise veterinaarmeditsiini õppetool

<sup>2</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, veterinaarse bio- ja populatsioonimeditsiini õppetool

\*triin.rilanto@emu.ee

### Sissejuhatus

Veiste eluea pikkus on ajavahemik lehma sünnist kuni tema praakimiseni karjast (Schuster jt., 2020). Praakimise all mõeldakse lehma karjast väljaminekut müümise, tapamajja saatmise või hukkumise (k.a eutanaasia) tõttu (Fetrow jt., 2006). Viimaste aastakümnete jooksul on lehmade eluiga pidevalt lühenenud, mis avaldab seeläbi negatiivset mõju piimafarmide tootlikkusele ja kasumlikkusele (Rogers jt., 1988), suurendab keskkonnamõjusid ning peegeldab piimalehmade tervise halvenemist (Bell jt., 2010; Compton jt., 2017; de Vries jt., 2011). Samuti on piimalehmade lühike eluiga pärvinud avalikkuse tähelepanu ja tekitanud tarbijate hulgas nõrdimust ning muret piimalehmade tervise ja heaolu pärast (Clark jt., 2016).

Praakimine võib olla kas looma vabatahtlik karjast väljaviimine (nt elusmüük või praakimine madala toodangu tõttu) või sunnitud (haiguste, sigimatuse või surma tõttu) (Fetrow jt., 2006). Vabatahtlikus praakimises on keskne roll loomapidajal, kes otsustab, millal ja millised lehmad karjast praagitakse (Fetrow jt., 2006). Nii võib kõrgem praakimismäär olla tingitud ka madalatoodanguliste majanduslikult vähemefektiivsete lehmade kiiremast asendamisest parema toodangupotentsiaaliga noorte lehmadega (Dechow ja Goodling, 2008). Samuti võidakse vanemaid lehmi praakida karja

geneetilise uuendamise eesmärgil (Seegers jt., 1998). Seetõttu on praakimine normaalne ja vajalik tegevus karja tootlikkuse tagamiseks. Praakimise põhjused on viimase aastakümne jooksul siiski muutunud – vähenenud on vabatahtliku praakimise osakaal ning valdavalt praagitakse lehmad erinevate haiguste või sigimisprobleemide tõttu (Fetrow jt., 2006; Compton jt., 2017).

Eesti piimalehmade praakimise ja suremuse põhjuseid ning riskitegureid on eeskätt looma tasandil hiljuti uuritud ning on leitud, et Eesti tulemused sarnanevad üldjuhul mujal maailmas leitud (Reimus jt., 2017; Rilanto jt., 2020; Tänavots jt., 2018). Samuti on enamasti sarnane erinevate riikide piimalehmade keskmine praakimismäär (Dechow ja Goodling, 2008; Hadley jt., 2006; Haine jt., 2017; Nor jt., 2014; Rilanto jt., 2020). Varasemates uuringutes on selgunud, et praakimismäärades on märgatavad karjadevahelised erinevused ja lehmade praakimisrisk on kõrgem just suuremates karjades (De Vries jt., 2010; Hadley jt., 2006; Rilanto jt., 2020). Mitmetes varasemates uuringutes on analüüsitud karjataseme riskitegureid, nagu söötmise ja pidamise mõju piimalehmade praakimisele ja eluea pikkusele (Alvåsen jt., 2018; Cook, 2020; Haine jt., 2017; Rilanto jt., 2020), kuid ainult vähesed uuringud on analüüsinud karjas esinevate üksikute nakkushaiguste seost praakimismääraga ja lehmade eluea pikkuse vahel (Bartlett jt., 2013; Gates jt., 2013; Nekouei jt., 2016; Ozsvari jt., 2020; Valle jt., 2001).

Eesti piimalehmade populatsioon on endeemiliselt nakatunud mitmete patogeenidega, sealhulgas veiste respiratoor-süntsüsiaalviiruse, veiste viirusdiarröa viiruse, veiste herpesviirus 1, *Mycoplasma bovis*'e ning samuti *Salmonella enterica* serotüüp Dublin'iga (*S. Dublin*). Samuti on viimastel aastatel Eesti veisekarjades sporaadiliselt tuvastatud *Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis* (MAP) positiivseid veiseid (Raaperi jt., 2012; Raaperi jt., 2010; Timonen jt., 2020; VTL, 2019; VTL, 2018). Eeltoodud nakkused põhjustavad teadaolevalt hingamisteede- ja seedeelundkonna haigusi, tekitavad erinevaid sigimishäireid ja mõjutavad negatiivselt piimatoodangut, olles seeläbi seotud ka lehmade praakimismääraga ja eluea pikkusega (Holschbach ja Peek, 2018; Lanyon jt., 2014; Maunsell jt., 2011; Raaperi jt., 2012; Tiwari jt., 2007).

Uuringu eesmärk oli selgitada kuue loetletud endeemilise patogeeni karjalevimus Eesti suurtes piimaveisekarjade hulgas ja analüüsida nende esinemise seost praakimismääraga ning lehmade eluea pikkusega. Eesti veisekarjade

nakkushaiguste alase olukorra tuvastamine ja seoste leidmine karja tulemusnäitajatega on oluline nii loomaomanikele kui -arstidele, võimaldades tõsta osapoolte teadlikkust infektsioonhaiguste levikust ja nakkuste mõjust. Riiklikul tasandil annavad uuringu tulemused sisendit veiste nakkushaiguste tõrje tegevuskavade koostamiseks ning hetkeolukorra tuvastamine on ka lähtekohaks haiguste leviku trendide hindamiseks tulevikus.

## Uurimistöö metoodika

### *Uuringukarjade valik*

Käesolevas uuringus osales 120 suurt Eesti piimaveisekarja, mis valiti juhuvalimina 182 karja hulgast, kus oli 2019. aasta jaanuari seisuga Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli (EPJ) andmete põhjal vähemalt 100 aastalehma. Võetud valim moodustas sihtpopulatsioonist 66%. Lisaks karja suurusele oli uuringusse kaasamise kriteeriumiks lehmade vabapidamine ning tingimuseks tootmise jätkumine lähitulevikus, et välistada valimis loomapidamist lõpetavad karjad, kelle puhul praakimismäär on tavapäratult kõrge. Farmijuhatajatega võeti ühendust telefoni teel, et selgitada uuringu eesmärgi ning täpsustada karja sobivust uuringusse.

Kõiki farme külastas eelnevalt kokkulepitud ajal 2019. aasta augustist 2020. aasta juulini üks kahest uuringut läbi viinud loomaarstist. Farmivisiidi jooksul intervjueriti farmijuhatajat ja täideti loomade pidamist, nende keskkonda ja rutiini käsitlev küsimustik. Farmijuhataja intervjuerimise käigus küsiti ka infot farmis viimaste aastate jooksul teostatud vaktsineerimiste kohta. Igast karjast koguti kümnele juhulikult valitud 8–16 kuu vanuselt mullikalt vereproovid, samuti võeti proovid farmi igast piimatankist.

Iga karja kohta koguti EPJ-st andmed farmivisiidile eelnenud aasta kohta. Andmed sisaldasid karjas olevate lehmade arvu aasta enne farmikülastust ja külastuse ajal, aasta jooksul praagitud lehmade arvu ja nende keskmist vanust (jäeti välja teistesse karjadesse müüdud loomad) ja 305-päeva keskmist piimatoodangut lehma kohta. Karja suurust iseloomustavaks näitajaks võeti keskmine lehmade arvust aasta enne farmikülastust ning visiidi ajal. Karja praakimismääraks arvutati praagitud lehmade osakaal (jättes välja müüdud loomad) lehmade keskmisest arvust karjas farmivisiidile eelnenud aasta jooksul.

### *Proovide analüüsimine*

Karjade seisundi määramiseks nakkuste suhtes analüüsiti mullikate seerumiproovid ning tankipiimaproovid veiste viirusdiarröa viiruse (VVDV), veiste respiratoor-süntsütsiaalviiruse (VRSV), herpesviirus 1 (VHV-1), *Mycoplasma bovis*, *Mycobacterium avium* spp. *paratuberculosis* (MAP) ja *Salmonella* Dublin haigusspetsiifiliste antikehade olemasolu suhtes, kasutades selleks tootja juhiste kohaselt kommertsiaalseid ELISA teste.

Nende karjade proovide analüüsimiseks, kus oli viimase viie aasta jooksul vaktsineeritud või parasjagu vaktsineeriti VHV-1 markervaktsiiniga, kasutati VHV-1 gE ELISA testi. Kõik ELISA testide tulemused jaotati testide piirväärtuste põhjal negatiivseks või positiivseks. Kari loeti patogeeni nakatunuks, kui vähemalt ühe seerumi või tankipiima proovi testi tulemus oli positiivne. Karjad, kus veised olid VVDV või VRSV vastu vaktsineeritud, jäeti haiguse levimuse arvutustest välja, kuid neid kasutati mudelites eraldi kategooriana.

### *Andmete analüüs*

Nakkushaiguste ilmnenu karjalevimus koos 95% usaldusvahemikuga (95% UV) arvutati eraldi mullikate seerumiproovide ja tankipiima proovide põhjal ning samuti nende tulemuste summeerimise järel. Karja nakkushaiguste-alase seisundi seoste analüüsimiseks lehmade praakimisvanuse ja praakimismääraga koostati kaks lineaarse regressioonanalüüsi mudelit. Iga haiguse jaoks määratleti mullikate seerumiproovide ja tankipiima proovide tulemuste põhjal spetsiifiline karja nakkushaiguse staatus, mille eesmärgiks oli eristada nakatunud karjade hulgas aktiivse levikuga (nakkus on levinud nii lehmade kui noorkarja hulgas) ning piiratud levikuga karjad (nakkus on levinud vaid lehmade hulgas). Karja kõik kuus nakkushaiguse staatust lisati argumenttunnustena lineaarse regressioonanalüüsi mudelisse, kus sõltuvaks muutujaks oli karja keskmine praakimisvanus või praakimismäär. Karja suurus ning karja piimatoodangu tase lisati mudelisse segava tegurina. Statistiliselt mitteolulised argumenttunnused eemaldati mudelitest.

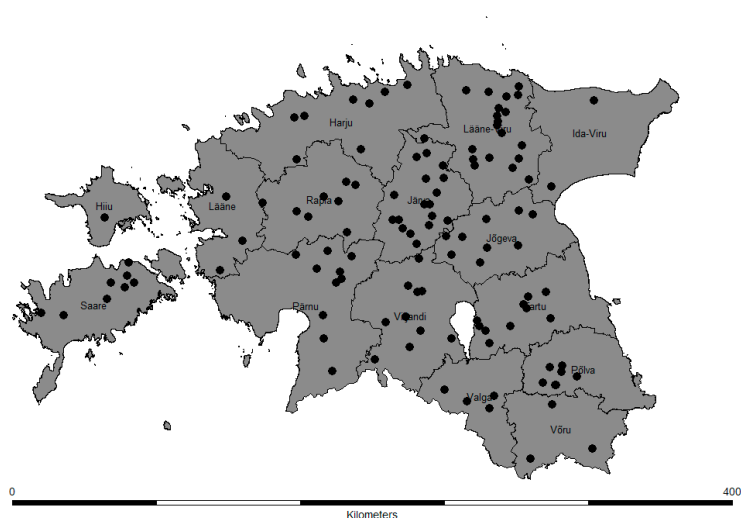
## Tulemused ja arutelu

### Uuringukarjad

Uuringus osales 120 piimaveisekarja üle Eesti (joonis 1) keskmise suurusega 518 lehma (vahemik 92–2275) ning karja keskmise 305-päevase piimatoodanguga 10319 kg (vahemik 5983–13155). Kõigis karjades olid lüpsilehmad vabapidamisel. Lautadest 57,7% olid poolsoojustatud, 27,5% soojustamata, 11,7% soojustatud ning 3,3% farmides esines mitu erinevat laudatüüpi. Kõige sagedamini (45,0%) lüpsiti lehma paralleellüpsiplatsil, 28,5% olid robotlaudad, 13,3% farmidel oli kalasaba-lüpsiplats, 5,8% olid karussell-lüpsiplatsiga, 6,7% farmidest kasutas erinevaid lüpsisüsteeme ning ühes farmis oli robotkarussell lüpsisüsteem.

### Nakkushaiguste levik

120 uuringus osalenud karjast 31-s (25,8%) vaktsineeriti veiseid VHV-1 vastu. Vaktsineerimata karjade seas oli mullikate ja lehmade testimisel VHV-1 ilmnev karjalevimus 56,7% (95% UV 47,3; 65,7) (joonis 2). See on sarnane 2006. aasta uuringu tulemusega üle 100 lehmaga karjade hulgas (Raaperi jt., 2010). Kahe uuringu vahele jääval perioodil (2006–2019) oli väikeste  $\leq 100$  lehmaga piimakarjade arv EPJ andmete kohaselt Eestis vähenenud 75% (vastavalt 1244 ja 311 karja). Samas on suurte karjade arv vähenenud ainult 28% (vastavalt 231 ja 167 karja) (EPJ 2006; 2019).



Joonis 1. Uuringus osalenud 120 Eesti piimaveisekarja paiknemine.

Varem on peetud VHV-1 laialdast levikut just suuremate karjade probleemiks, kuid on võimalik, et nakkuse intensiivsema leviku on nende aastate jooksul ära hoidnud farmides rakendatud tõrjemeetmed. Mullikad olid VHV-1 positiivsed 33,7% (95% UV 24,0; 44,5) mittevaktsineeritavates karjades. Neljas karjas olid tankipiima proovid negatiivsed, kuid mullikate vereproovid positiivsed. Nendes karjades oli VHV-1 levimus mullikate hulgas 10–60% viidates tõenäosusele, et viirus oli noorkarjas hiljuti levima hakanud. Üsnagi erinev VHV-1 levimus lehmade ja mullikate hulgas kinnitab vajadust uurida lisaks tankipiimale ka noorloomade proove, mis võimaldab suurema usaldusväärsusega tuvastada nakatunud karjad ja nakkuse leviku ulatuse erinevates loomarühmades. VHV-1 vastu vaktsineerivates karjades olid noorloomad loodusliku viiruse antikehade (gE) suhtes positiivsed ainult ühes farmis ning tankipiima proovid gE-antikehade suhtes positiivsed viies farmis (levimus 16,1%, 95% UV 5,5; 33,7). Vaatamata sellele, et tõrjeprogrammi rakendamise aeg oli meie jaoks teadmata, viitab madal karjalevimus ja nakkuse puudumine mullikate hulgas markervaktsiinide heale võimekusele VHV-1 leviku ohjamisel.

Üheksas farmis vaktsineeriti loomi VVDV vastu ning seetõttu jäeti need farmid VVDV levimuse arvutusest välja. VVDV üldine levimus vaktsineerimata karjades mullikate ja lehmade testide põhjal oli 27,0% (95% UV 19,0; 36,3). Noorloomade seerumitestide põhjal olid VVDV positiivsed 24,3% (95% UV 16,7; 33,4) karjadest (joonis 2). Ehkki tankipiima proovidest saadi karjalevimuseks sama tulemus, oli VVDV staatus mullikate ja lehmade vahel erinev kuues karjas. Neist kolmes farmis oli noorkari VVDV negatiivne, samal ajal kui tankipiima proov andis positiivse tulemuse ja kolmes karjas vastupidi. Üks kolmest farmist, kus noorkari oli testimisel VVDV negatiivne, kuid tankipiim positiivne, oli teadaolevalt läbinud VVDV tõrje püsinakatunud loomade tuvastamise ja karjast väljaviimisega, samas kui ülejäänud kahes karjas tõrjemeetmeid ei rakendatud.

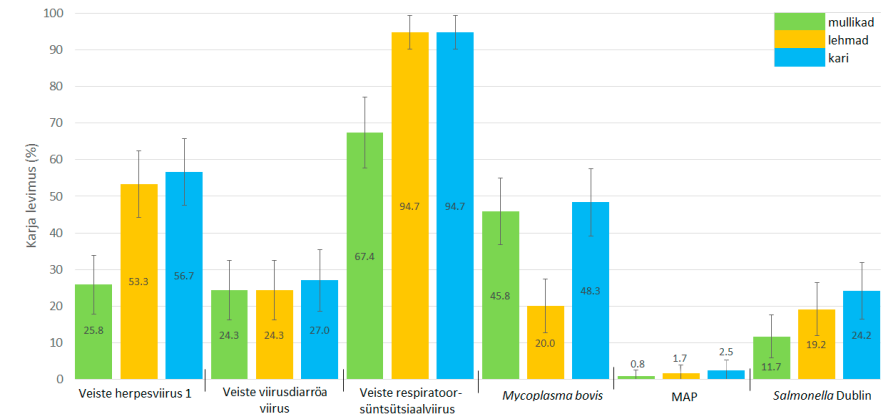
VRSV vastu vaktsineeriti veiseid 25 karjas. Infektsiooni kontrolli all hoidmiseks on Eesti veisekarjades levinud praktikaks loomade vaktsineerimine, kuid kuna mitmed turul olevad vaktsiinid on mitme-komponendilised, ei saa me selle uuringu põhjal täpselt öelda, kas vaktsineerimist teostati konkreetselt VRSV või mõne teise infektsioonhaiguse vastu. Mittevaktsineerivatest karjadest olid mullikate ja lehmade testide põhjal negatiivsed ainult 5 karja

andes VRSV karjalevimuseks 94,7% (95% UV 88,1; 98,3). Kõigis 90 nakatunud karjas oli tankipiima testi tulemus positiivne, samal ajal kui noorkari oli positiivne 64 karjas (67,4%, 95% UV 57,0; 76,6) (joonis 2). Arvestades asjaolu, et tankipiima proovid olid nakatunud farmides positiivsed, kuid noorkarja testimise tulemused varieerusid, on tankipiima proovide uurimine kindlasti nakatunud karjade leidmiseks sobiv meetod, kuid see ei peegelda sageli nakkuse levikut noorkarjas.

*Mycoplasma bovis*'e antikehi tuvastati mullikatel võetud proovides sagedamini kui tankipiimas (vastavalt 45,8%, 95% UV 36,7; 55,2 ja 20,0%, 95% UV 13,3; 28,3). Kolmes karjas oli tankipiima proov *M. bovis*'e antikehade suhtes positiivne, kuid mullikate testid olid negatiivsed. *M. bovis*'e karjalevimus mullikate ja lehmade testide põhjal kokku oli 48,3% (95% UV 39,1; 57,6) (joonis 2). *M. bovis* põhjustab noortel veistel hingamisteede haigusi, keskkõrvapõletikku ja liigesepõletikke (Maunsell jt., 2011) ning levib eriti kiiresti rühmasulgudesse paigutatud vastuvõtlike noorloomade hulgas. Tankipiima proovides oli antikehade tase enamasti madal kuni mõõdukas. Täiskasvanud loomadel väljendub *M. bovis*'e infektsioon kroonilise udarapõletiku ning artriidina. Kuna haigestunud lehmade piim eraldatakse müüdavast piimast, on võimalik, et tankipiima proove analüüsides ei pruugita alati *M. bovis* infektsiooniga nakatunud karju tuvastada (Maunsell jt., 2011).

Ühes uuringukarjas andis ühe mullika proov paratuberkuloosi antikehadele positiivse ELISA testi tulemuse, kuigi tankipiima proov selles karjas oli MAP antikehade suhtes negatiivne. Kahes karjas olid tankipiima proovid MAP antikehade suhtes positiivsed, kuid noortel mullikatel antikehi ei tuvastatud. Kokku oli karjade MAP levimus 2,5% (95% UV 0,5; 7,1) (joonis 2). Peab tõdema, et noorloomade vereproovide ja tankipiima paratuberkuloosivastaste antikehade testimise tundlikkus on nakatunud karjade tuvastamisel tagasihoidlik (Nielsen ja Toft, 2006; van Weering jt., 2007), mistõttu on MAP-i levimushinnang käesolevas uuringus tõenäoliselt alahinnatud.

*Salmonella* Dublin tuvastati mullikatel 14-s karjas ja tankipiima proovid andsid positiivse tulemuse 23 karjas. Võttes arvesse mullikate ja lehmade proovide tulemusi koos, oli *S. Dublin*'i levimus uuringukarjades 24,2% (95% UV 16,8; 32,8) (joonis 2).



**Joonis 2.** Kuue infektsioonhaiguse karjalevimus mullikate seerumi proovide põhjal (hinnatud kümne 8–16 kuu vanuse mullika seerumi antikehade sisalduse põhjal), lehmadel (hinnatud tankipiima antikehade sisalduse põhjal) ja karjas (mullikate ja lehmade testi alusel) 120-s suures Eesti piimakarjas. Veiste herpesviiruse osas on esindatud vaksineeritud ja vaksineerimata karjad, veiste viirusdiarröa viirusele ja veiste respiratoor-süntsütsiaalviirusele vaksineerivad karjad on vastava nakkuse levimuse analüüsist välja jäetud. MAP = *Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis*

#### Karja nakkushaiguse staatuse seos lehmade praakimisvanuse ja -määraga

VRSV-positiivsetes karjades oli lehmade keskmine praakimisvanus madalam kui negatiivsetes karjades (tabel 1). Karjades, kus VRSV oli ka noorkarja hulgas levinud, oli praakismäär keskmiselt 5,33% kõrgem võrreldes farmidega, kus VRSV suhtes oli positiivne ainult tankipiim ( $p = 0,004$ ) (tabel 2). Nendes karjades oli tegemist ilmselt viiruse aktiivse levikuga ning see kajastus ka suurenenud praakismääras. VRSV põhjustab veisekarjades tõsiseid hingamisteede haiguse puhanguid, mille käigus haigestuvad raskelt ka täiskasvanud loomad ning tagajärjeks võib olla ka surmlõpe (Giammarioli jt., 2020; Raaperi jt., 2012).



**Tabel 1.** Karja infektsioonhaiguste seos lehmade keskmise praakimisvanusega (kuudes) 120-s Eesti piimaveisekarjas mitme muutujaga lineaarse regressioonanalüüsi tulemuste põhjal.

Infektsioonhaigus	Kategooria seroloogilise analüüsi põhjal	Karjade arv	Regressioonanalüüsi koefitsient	95% usaldusvahemik	P-väärtus	Waldi testi P-väärtus
Veiste respiratoorsüntsütsiaalviirus	Negatiivne	5	0			< 0,001
	Tankipiima proov positiivne, noorkari negatiivne	26	-9,94	-15,83; -4,04	0,001	
	Tankipiima proov positiivne, noorkari positiivne	64	-12,58	-18,36; -6,81	< 0,001	
	Vaktsineerivad karjad	25	-14,04	-20,11; -7,96	< 0,001	
<i>Mycobacterium avium</i> spp. <i>paratuberculosis</i>	Negatiivne	117	0			
	Tankipiima proov või noorkari positiivne <sup>a</sup>	3	-6,18	-12,98; 0,63	0,075	
<i>Salmonella</i> Dublin	Negatiivne	91	0			0,036
	Tankipiima proov positiivne, noorkari negatiivne	15	3,79	0,52; 7,07	0,023	
	Tankipiima proov positiivne/ negatiivne ja noorkari positiivne <sup>b</sup>	14	2,85	-0,62; 6,33	0,106	
Lehmade arv karjas (suurenemine 100 lehma võrra)		120	-0,17	-0,49; 0,16	0,314	
Karja keskmine 305-päeva piimatoodang (suurenemine 500 kg võrra)		120	-0,28	-0,78; 0,23	0,284	

<sup>a</sup>tankipiima proov positiivne kahes karjas ja noorkari positiivne ühes karjas; <sup>b</sup>tankipiima proov negatiivne (n=8 karja), tankipiima proov positiivne (n=6 karja).

Paratuberkuloosi suhtes olid positiivsed ainult kolm karja ning nende karjade puhul täheldati trendi lehmade lühema eluea suunas (regressiooni koefitsient = -6,18 kuud, 95% UV -12,98; 0,63, p = 0,075) (tabel 1). Kuna rakendatud testimisprotokoll ei olnud karja paratuberkuloosi staatuse hindamiseks piisavalt tundlik, võime oletada, et neis kolmes positiivses karjas võis tegemist olla haiguse aktiivse levikuga, mille tõttu praagiti ka rohkem nooremaid lehmi.

**Tabel 2.** Karja infektsioonhaiguste seos lehmade praakimismääraga (%) 120-s Eesti piimaveisekarjas mitme muutujaga lineaarse regressioonanalüüsi tulemuste põhjal.

Infektsioonhaigus	Kategooria seroloogilise analüüsi põhjal	Karjade arv	Regressioonanalüüsi koefitsient	95% usaldusvahemik	P-väärtus	Waldi testi P-väärtus
Veiste viirusdiarröa viirus	Tankipiima proov ja/ või noorkari positiivne	30	0			0,079
	Negatiivne	81	-3,03	-6,54; 0,49	0,090	
	Vaktsineerivad karjad	9	-6,26	-12,61; 0,09	0,053	
Veiste respiratoorsüntsütsiaalviirus	Tankipiima proov positiivne, noorkari negatiivne	26	0			0,011
	Negatiivne	5	-0,02	-7,89; 7,85	0,996	
	Tankipiima proov ja noorkari positiivne	64	5,33	1,73; 8,93	0,004	
	Vaktsineerivad karjad	25	3,77	-1,10; 8,64	0,128	
Lehmade arv karjas (suurenemine 100 lehma võrra)		120	0,17	-0,26; 0,60	0,435	
Karja keskmine 305-päeva piimatoodang (suurenemine 500 kg võrra)		120	0,41	-0,26; 1,09	0,226	



Farmides, kus tankipiima proov oli *Salmonella* Dublin'i antikehadele positiivne, kuid mullikate proovid negatiivsed, oli keskmiselt 3,79 (95% UV 0,52; 7,07) kuud kõrgem praakimisvanus võrreldes *S. Dublin*'i suhtes negatiivsete karjadega (tabel 1). Võime spekuloida, et karjades, kus lehmad praagitakse nooremana, on õnnestunud *S. Dublin*'i kandjad, kui infektsiooni reservuaarid, elimineerida. Siiski vajab sellise seose kinnitamine täiendavaid uuringuid.

Lehmade praakimismäär oli VVDV-le negatiivsetes karjades keskmiselt 3,03% madalam ( $p = 0,090$ ) võrreldes nakatunud karjadega ning VVDV-vastane vaksineerimine seostus samuti madalama praakimismääraga ( $p = 0,053$ ) (tabel 2). Lisaks mitmetele immuunsupressioonist tingitud haigustele põhjustab VVDV ka hingamisteede ja seedeelundkonna haigusi ning sigimisprobleeme, mis väljenduvad embrüonaalse suremuse ja abortidena (Lanyon jt., 2014). Abort ja halb tiinestumine on eelnevate uuringute tulemuste kohaselt oluliseks praakimise põhjuseks (Rilanto jt., 2020). Veiste tiinestamiseelne vaksineerimine VVDV vastu on efektiivne abinõu vältimaks embrüo/loote surma (Walz jt., 2017) olles tõenäoliselt ka praakimise osas kaitsva mõjuga.

### Kokkuvõte ja järeldused

Käesoleva uuringu tulemused kinnitavad, et Eesti suured piimakarjad on endemiselt nakatunud VHV-1, VVDV, VRSV, *M. bovis*'e ning *S. Dublin*'iga. Täheldati ka paratuberkuloosi madalat levimust, kuid täpse levimushinnangu saamiseks oleks vajalik teha täiendavaid uuringuid. Uuringu tulemused annavad hea ülevaate erinevate patogeenide mõjust suurtes piimakarjades, mis on väärtuslik teave haiguste tõrjeprogrammide koostamisel ning kõige kulutõhusama ja informatiivsema proovivõtusüsteemi koostamisel.

Kuna VVDV, VRSV, *S. Dublin*'i ning MAP esinemisel karjas on seos lehmade praakimismäära ja eluea pikkusega, on nende haiguste ohjamisel või tõrjel eeldatavalt soodne mõju lehmade tervisele ja heaolule ning ettevõtte majanduslikule tulemuslikkusele.

### Tänuavaldused

Artikli autorid on väga tänulikud kõigile uuringus osalenud farmijuhatajatele ja loomaarstidele nende panuse ja osavõtlikkuse eest. Täname Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli ASi töötajaid koostöö ja andmete edastamise eest. Uurimistööd on finantseerinud Eesti Teadusagentuur (grant PSG268).

### Kasutatud kirjandus

- Alvåsen, K., Dohoo, I., Roth, A., Emanuelson, U. 2018. Farm characteristics and management routines related to cow longevity: A survey among Swedish dairy farmers. *Acta Vet. Scand.* 60:38.
- Bartlett, P.C., Norby, B., Byrem, T.M., Parmelee, A., Ledergerber, J.T., Erskine, R.J. 2013. Bovine leukemia virus and cow longevity in Michigan dairy herds. *J. Dairy Sci.* 96:1591–1597.
- Bell, M.J., Wall, E., Russell, G., Roberts, D.J., Simm, G. 2010. Risk factors for culling in Holstein-Friesian dairy cows. *Vet. Rec.* 167:238–240.
- Clark, B., Stewart, G.B., Panzone, L.A., Kyriazakis, I., Frewer, L.J. 2016. A systematic review of public attitudes, perceptions and Behaviours towards production diseases associated with farm animal welfare. *J. Agric. Environ. Ethics.* 29:455–478.
- Compton, C.W.R., Heuer, C., Thomsen, P.T., Carpenter, T.E., Phyn, C.V.C., McDougall, S. 2017. Invited review: A systematic literature review and meta-analysis of mortality and culling in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 100:1–16.
- Cook, N.B. 2020. Symposium review: The impact of management and facilities on cow culling rates. *J. Dairy Sci.* 103:3846–3855.
- Dechow, C.D., Goodling, R.C. 2008. Mortality, culling by sixty days in milk, and production profiles in high- and low-survival Pennsylvania herds. *J. Dairy Sci.* 91:4630–4639.
- De Vries, M., Bokkers, E.A., Dijkstra, T., Van Schaik, G., De Boer, I.J. 2011. Invited review: associations between variables of routine herd data and dairy cattle welfare indicators. *J. Dairy Sci.* 94:3213–3228.
- De Vries, A., Olson, J.D., Pinedo, P.J. 2010. Reproductive risk factors for culling and productive life in large dairy herds in the eastern United States between 2001 and 2006. *J. Dairy Sci.* 93:613–623.
- Fetrow, J., Nordlund, K.V., Norman, H.D. 2006. Invited Review: Culling: Nomenclature, Definitions, and Recommendations. *J. Dairy Sci.* 89:1896–1905.
- Gates, M.C., Humphry, R.W., Gunn, G.J. 2013. Associations between bovine viral diarrhoea virus (BVDV) seropositivity and performance indicators in beef suckler and dairy herds. *Vet. J.* 198:631–637.

- Hadley, G.L., Wolf, C.A., Harsh, S.B. 2006. Dairy cattle culling patterns, explanations, and implications. *J. Dairy Sci.* 89:2286–2296.
- Haine, D., Delgado, H., Cue, R., Sewalem, A., Wade, K., Lacroix, R., Lefebvre, D., Arsenault, J., Bouchard, É., Dubuc, J. 2017. Culling from the herd's perspective – Exploring herd-level management factors and culling rates in Québec dairy herds. *Prev. Vet. Med.* 147:132–141.
- Holschbach, C.L., Peek, S.F. 2018. Salmonella in Dairy Cattle. *Vet. Clin. North Am. - Food Anim. Pract.* 34:133–154.
- Lanyon, S.R., Hill, F.I., Reichel, M.P., Brownlie, J. 2014. Bovine viral diarrhoea: Pathogenesis and diagnosis. *Vet. J.* 199:201–209.
- Maunsell, F.P., Woolums, A.R., Francoz, D., Rosenbusch, R.F., Step, D.L., Wilson, D.J., Janzen, E.D. 2011. *Mycoplasma bovis* infections in cattle. *J. Vet. Intern. Med.* 25:772–783.
- Nekouei, O., VanLeeuwen, J., Stryhn, H., Kelton, D., Keefe, G. 2016. Life-time effects of infection with bovine leukemia virus on longevity and milk production of dairy cows. *Prev. Vet. Med.* 133:1–9.
- Nor, N.M., Steeneveld, W., Hogeveen, H. 2014. The average culling rate of Dutch dairy herds over the years 2007 to 2010 and its association with herd reproduction, performance and health. *J. Dairy Res.* 81:1–8.
- Ozsvari, L., Harnos, A., Lang, Z., Monostori, A., Strain, S., Fodor, I. 2020. The Impact of Paratuberculosis on Milk Production, Fertility, and Culling in Large Commercial Hungarian Dairy Herds. *Front. Vet. Sci.* 7:778.
- Parker, A.M., House, J.K., Hazelton, M.S., Bosward, K.L., Morton, J.M., Sheehy, P.A. 2017. Bulk tank milk antibody ELISA as a biosecurity tool for detecting dairy herds with past exposure to *Mycoplasma bovis*. *J. Dairy Sci.* 100:8296–8309.
- Raaperi, K., Bougeard, S., Aleksejev, A., Orro, T., Viltrop, A. 2012. Association of herd BRSV and BHV-1 seroprevalence with respiratory disease and reproductive performance in adult dairy cattle. *Acta Vet. Scand.* 54:4.
- Raaperi, K., Nurmoja, I., Orro, T., Viltrop, A. 2010. Seroepidemiology of bovine herpesvirus 1 (BHV1) infection among Estonian dairy herds and risk factors for the spread within herds. *Prev. Vet. Med.* 96:74–81.
- Reimus, K., Orro, T., Emanuelson, U., Viltrop, A., Mõtus, K. 2017. Reasons and risk factors for on-farm mortality in Estonian dairy herds. *Livest. Sci.* 198:1–9.
- Rilanto, T., Reimus, K., Orro, T., Emanuelson, U., Viltrop, A., Mõtus, K. 2020. Culling reasons and risk factors in Estonian dairy cows. *BMC Vet. Res.* 16:173.
- Rogers, G.W., Van Arendonk, J.A.M., McDaniel, B.T. 1988. Influence of Production and Prices on Optimum Culling Rates and Annualized Net Revenue. *J. Dairy Sci.* 71:3453–3462.
- Schuster, J.C., Barkema, H.W., De Vries, A., Kelton, D.F., Orsel, K. 2020. Invited review: Academic and applied approach to evaluating longevity in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 103:11008–11024.
- Seegers, H., Beaudeau, F., Fourichon, C. and Bareille, N., 1998. Reasons for culling in French Holstein cows. *Prev. Vet. Med.* 36:257–271.
- Timonen, A.A.E., Autio, T., Pohjanvirta, T., Häkkinen, L., Katholm, J., Petersen, A., Mõtus, K., Kalmus, P. 2020. Dynamics of the within-herd prevalence of *Mycoplasma bovis* intramammary infection in endemically infected dairy herds. *Vet. Microbiol.* 242:108608.
- Tiwari, A., VanLeeuwen, J.A., Dohoo, I.R., Keefe, G.P., Haddad, J.P., Tremblay, R., Scott, H.M., Whiting, T. 2007. Production effects of pathogens causing bovine leukosis, bovine viral diarrhoea, paratuberculosis, and neosporosis. *J. Dairy Sci.* 90:659–669.
- Tänavots, A., Kiiman, H., Kaart, T., Pihlapuu, M. 2018. Praakimise põhjustest Eesti paremates piimaveisekarjades. *Konverentsi "Terve loom ja tervislik toit 2018" artiklite kogumik*, (toim. M. Kass). Tartu: Eesti Maaülikool, lk 101–109.
- Valle, P.S., Wayne Martin, S., Skjerve, E. 2001. Time to first calving and calving interval in bovine virus diarrhoea virus (BVDV) sero-converted dairy herds in Norway. *Prev. Vet. Med.* 51:17–36.

Veterinaar- ja Toidulaboratoorium, 2019. Veterinaar- ja Toidulaboratooriumi aastaaruanded 2019.

[https://www.vetlab.ee/sites/default/files/2020-11/Aastaaruanne2019\\_nakkus\\_180320.pdf](https://www.vetlab.ee/sites/default/files/2020-11/Aastaaruanne2019_nakkus_180320.pdf) (viimati vaadatud 1.13.21).

Veterinaar- ja Toidulaboratoorium, 2018. Veterinaar- ja Toidulaboratooriumi aastaaruanded 2018.

[https://www.vetlab.ee/sites/default/files/2019-11/Aastaaruanne\\_2018\\_loomahaigused.pdf](https://www.vetlab.ee/sites/default/files/2019-11/Aastaaruanne_2018_loomahaigused.pdf) (viimati vaadatud 1.13.21).

### ***Herd prevalence of endemic infectious diseases and association with herd culling rates and longevity in large Estonian dairy herds***

Triin Rilanto, Dagni-Alice Viidu, Toomas Orro, Arvo Viltrop, Kerli Mõtus

*This study revealed that large dairy herds in Estonia are endemic for bovine herpesvirus 1 (BHV-1), bovine viral diarrhoea virus (BVDV), bovine respiratory syncytial virus (BRSV), Mycoplasma bovis and Salmonella Dublin. A low prevalence of paratuberculosis was identified, but further studies are needed to obtain accurate prevalence estimates. The results of this study provide a good overview of the effects of different pathogens in large dairy herds, which is valuable information in motivating initiation of disease control programmes and in devising the most cost-effective and informative sampling protocol for disease surveillance. As the presence of BVDV, BRSV, S. Dublin and paratuberculosis in a herd is related to the culling rate and life expectancy of cows, the control or eradication of these diseases is expected to have beneficial effects on cows' health and welfare and on farm economic performance.*

## **Bioturvalisuse meetmete rakendamine Eesti piimaveisefarmides ja seos nakkushaiguste esinemisega**

Kerli Mõtus<sup>1\*</sup>, Tuula Sihvonen<sup>2</sup>, Dagni-Alice Viidu<sup>1</sup>, Triin Rilanto<sup>1</sup>, Arvo Viltrop<sup>3</sup>

<sup>1</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, kliinilise veterinaarmeditsiini õppetool

<sup>2</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, veterinaarmeditsiini VI kursuse üliõpilane

<sup>3</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, veterinaarse bio- ja populatsioonimediitsiini õppetool

\*kerli.motus@emu.ee

### **Sissejuhatus**

Farmi bioturvalisuse all mõeldakse programme või tegevusi, millega ennetatakse loomade tervist ja heaolu mõjutavate nakkushaiguste karja toomist. Seni ei ole bioturvalisuse praktikate rakendamist Eesti piimaveisefarmides laialdaselt uuritud. Eesti piimaveisepopulatsioonides on endeemiliselt levinud mitmed infektsioonhaigused, mis pärivad loomade tervist ja tootmisvõimet. Samas ei ole piisavalt uuritud bioturvalisuse meetmete mõju nakkushaiguste levikule. Käesoleva uuringu eesmärk oli selgitada Eesti piimaveisekarjades rakendatavaid bioturvalisuse meetmeid ja analüüsida nende seost nakkushaiguste esinemise riskiga farmis. Antud teave on oluline eeskätt loomapidajatele mõistmaks nende rutiinsete praktikate olulisust ja reaalset mõju karja tervisele. Samuti pakuvad uuringu tulemused sisendit veisefarmide bioturvalisuse programmide ja nõuete koostamiseks.

### **Uurimistöö metoodika**

Uuringusse valiti 120 piimaveisekarja üle Eesti, kus 2019. aasta alguse seisuga peeti vähemalt 100 lehma ning kus lehmad olid vabapidamisel. Valikuloendisse kuuluvate karjade nimekiri saadi Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli AS-ist (EPJ). Farme külastati perioodil august 2019

kuni juuli 2020. Farmijuhatajaga läbi viidud intervjuu käigus täideti bioturvalisuse praktikate ja vaksineerimiste kohta käiv küsimustik. Igast karjast võeti 10 seerumi proovi 8-16 kuu vanustelt mullikatelt, samuti koguti farmi igast piimatankist piimaproovid. Proovid uuriti kommertsiaalsete ELISA testidega veiste herpesviirus 1 (VHV-1) gB, veiste viirusdiarröa viiruse (VVDV), *Mycoplasma bovis*'e (*M. bovis*) ja *Salmonella* Dublin'i (*S. Dublin*) antikehadele. Farm loeti testitud infektsioonhaiguse osas positiivseks kui vähemalt üks seerumi- või tankipiimaproov osutus antikehade suhtes positiivseks. Analüüsimeks farmide bioturvalisuse praktikate seost uuritud infektsioonhaiguste esinemisega, koostati logistilised regressioonanalüüsi mudelid, milles kontrolliti karja suurust tegurimõju segava faktorina. Seosed, mille p-väärtus oli  $< 0,05$  loeti statistiliselt olulisteks ning seosed p-väärtusega 0,05–0,20 loeti indikatiivseteks. Vaksineerivad karjad jäeti vastava haiguse riskitegurite analüüsist välja.

## Tulemused

Uuringus osales 120 lüpsikarja keskmise suurusega 518 lehma (vahemik 92–2275 lehma) ja keskmise karja 305-päevase piimatoodanguga 10319 kg (vahemik 5983–13155 kg). Uusi loomi olid viimase kolme aasta jooksul ostnud 59 karja (49%) ning loomade pidev liikumine eraldi paiknevate üksuste (eraldiseisev lehmalaut ja sellega seotud noorkarjalaudad) vahel toimus 26 karjas (22%). Loomad käisid õues (karjamaadel või õuealadel) 90 farmis (75%) ning karjamaad/õuealad puutusid kokku teiste karjade/üksuste karjamaadega 12 farmis (10%). Viimase kolme aasta jooksul osaleti 22 farmi veistega tõuloomanäitustel (18%).

Enamiku farmide töötajad ( $n=102$ ) külastasid ka teisi ettevõtteid või sama ettevõtte teisi eraldiseisvaid üksuseid ning 89 ettevõtte (74%) puhul pakkus loomaarst/seemendaja teenust ka teistele farmidele. Farmi töötajad vahetasid riideid alati 110 karjas (92%), regulaarset riide vahetamist ei toimunud kümnes karjas (8%). Loomadega kontaktis olevad külalised kandsid kaitseriietust 71 farmis (59%), samas 49 farmis seda kas ei toimunud või ei olnud kaitseriietuse kandmine reeglipärane.

Teenusepakkujad (nõustajad, loomaarstid, seemendajad, sõravärkijad jt) desinfitseerisid oma varustuse alati enne farmi sisenemist 98 farmis (82%). Sissepääsukohtades olid desomatid/-vannid 30 farmis (25%) ning kätedeso-

vahendid olid sissepääsukohtades 16 ettevõttes (13%). Korjuste pealelaadimiskoha kaugus farmist oli varieeruv:  $<10$  m oli vahemaa 35 farmis (29%), 10-19 m 21 farmis (18%), 20-99 m oli see 40 farmis (33%) ning  $\geq 100$  m oli vahemaa 24 farmis (20%).

31 ettevõttes vaksineeriti loomi markervaktsiinidega VHV-1 vastu, VVDV vastu vaksineeriti üheksas karjas ning VRSV vastu 25 karjas. Need farmid jäeti edasisest analüüsist välja.

Kokku olid VHV-1 suhtes positiivsed 63 ning negatiivsed 26 mittevaksineerivat karja andes karjalevimuseks 70,8% (95% usaldusvahemik (UV) 60,2; 79,9). 111-st VVDV suhtes mittevaksineerivast karjast olid nakatunud 30 karja (levimus 27,0%, 95% UV 19,0; 36,3). *M. bovis*'e suhtes andsid positiivse tulemuse 58 karja (levimus 48,3%, 95% UV 39,1; 57,6) ning *S. Dublin*'i suhtes 29 karja (levimus 24,2%, 95% UV 16,8; 32,8).

Karja positiivse VHV-1 staatusega seostus töötajate teiste farmide/üksuste külastamine (šansside suhe (OR) = 4,39, 95% UV 1,13; 17,09,  $p=0,033$ ). VHV-1 nakkuse tõenäosus oli mõnevõrra madalam nendes karjades, kus külastajad kandsid alati kaitseriietust (OR=0,46, 95% UV 0,15; 1,39,  $p=0,169$ ). VVDV suhtes osutus kaitseks teguriks loomade karjatamine (OR=0,27, 95% UV 0,10; 0,72,  $p=0,009$ ). Küllastajate kaitseriietuse kandmine seostus mõnevõrra madalama karja VVDV nakkusriskiga (OR=0,48, 95% UV 0,19; 1,20,  $p=0,115$ ). Karja *M. bovis* nakkuse osas osutus kaitseks teguriks farmi loomaarsti/seemendaja poolt teistele karjadele teenuse osutamine (OR=0,28, 95% UV 0,11; 0,73,  $p=0,009$ ). *M. bovis* nakkuse risk oli madalam ka nendes karjades, kus teenuseosutajad desinfitseerisid oma varustuse enne farmi sisenemist (OR=0,35, 95% UV 0,12; 1,002,  $p=0,051$ ). Karjades, kus sissepääsudel olid kätedesovahendid, oli *M. bovis*'e nakkuse risk keskmiselt madalam, kuid seos ei olnud statistiliselt oluline (OR=0,42, 95% UV 0,12; 1,48,  $p=0,178$ ). Farmides, kus viimase kolme aasta jooksul osaleti loomadega näitustel, oli *S. Dublin* nakkuse esinemise tõenäosus keskmiselt 2,28 korda suurem, kuid seos on pigem trendi näitav kui statistiliselt oluline (95% UV 0,76; 6,78,  $p=0,140$ ). Veiste salmonelloosi tekitaja suhtes mõnevõrra kaitsva mõjuga teguriteks olid kaitseriietuse kandmine küllastajate poolt (OR=0,43, 95% UV 0,17; 1,11,  $p=0,083$ ) ning teenusepakkujate töövahendite desinfitseerimine enne farmi sisenemist (OR=0,36, 95% UV 0,12; 1,03,  $p=0,057$ ). Karja nakkusrisk oli keskmiselt kõrgem suuremates karjades kõigi nelja uuritud infektsiooni osas.



## Arutelu

Antud uuringuga tuvastati, et mitmed olulised bioturvalisuse meetmed ei ole Eesti piimaveisefarmides laialdast rakendust leidnud. Farmides oli palju riskantseid kontakte loomade ostmise, karjatamise viisi ning töötajate, külastajate ja teenusepakkujate liikumise tõttu. Tuvastasime seose bioturvalisuse praktikate ja nakkuste esinemise vahel karjas. Piimaveisekarjades on tavapärane, et töötajad külastavad teisi farme või sama ettevõtte teisi karju. Viimati mainitu osutus VHV-1 nakkuse riski suurendavaks teguriks, mistõttu peab enam tähelepanu pöörama bioturvaprotseduuridele, mis välistaksid nakkuse ülekande inimese vahendusel. Külaliste kaitseriietuse kandmine oli VHV-1, VVDV ja *S. Dublin* nakkuse osas teatava kaitsva mõjuga, seejuures oli nimetatud praktika reeglipärane vaid 59% uuringualustes farmides. Seega oleks vajalik veelgi enam tähelepanu pöörata meetmetele, mis vähendaksid nakkuste ülekannet karjast karja inimese vahendusel. Loomade karjatamine seostus väiksema VVDV nakkusriskiga, kuid antud seos oli tugevalt mõjutatud karja suurusest. Teisisõnu loomi karjatavad farmid olid oluliselt väiksemad ja ka VVDV nakkusrisk oli väiksemates farmides madalam. Kui aga võrrelda VVDV nakkusriski ainult karjatavate farmide hulgas, siis oli kari VVDV suhtes suurema tõenäosusega positiivne siis, kui väljas peetavatel loomadel oli võimalus kontakteeruda teistest karjadest pärit loomadega (OR=3,84, 95% UV 0,86; 17,13,  $p=0,078$ ). Seega tuleb rõhutada loomade õues käimise korral karjadevaheliste kontaktivõimaluste piiramise olulisust.

*M. bovis* infektsiooni osas tuvastasime, et nakkusrisk oli väiksem nendes karjades, kus veterinaar või seemendaja osutas teenust ka teistele karjadele. Tõenäoliselt on loomaarsti ja seemendustehniku kasutatavad bioturvalisuse meetmed piisavad vältimaks nakkuse vahendatud ülekannet. Samuti on praktika, kus seemendaja ja loomaarst pakuvad mitmele farmile teenust sagedasem väiksemate ettevõtete puhul, mis omakorda seostus väiksema *M. bovis* nakkusriskiga. Uuritud bakternakkuste osas (*M. bovis* ja *S. Dublin*) osutus karja suurema nakkusriskiga seotud teguriks teenusepakkujate tööriistade ja -vahendite mittedesinfitseerimine. Nimetatud bakterid suudavad soodsates tingimustes väljaspool looma organismi püsida eluvõimelisena nädalaid kuni kuid, mistõttu võib desinfitseerimata töövahenditega nakkust üle kanda teistesse farmidesse.

Loomade ostmine ei seostunud oluliselt karja kõrgema nakkusriskiga. Siin tuleb silmas pidada, et uuringus küsiti andmeid loomade ostmise kohta vaid viimase kolme aasta jooksul, mis ei pruukinud olla piisav hindamiseks selle teguri mõju endeemiliste nakkushaiguste esinemisele karjas.

## Järeldused

Bioturvalisuse meetmed on suhteliselt odavad ja lihtsalt rakendatavad meetmed, mis antud uuringu tulemuste kohaselt tõkestavad nakkushaiguste levikut karjade vahel. Kuna käesolevas uuringus käsitletud nakkushaigused on Eestis laialdaselt levinud, siis on tõsistest haiguspuhangutest hoidumiseks vajalik senisest enam tõhustada bioturvalisuse meetmete rakendamist – võimalusel tuleks piirata töötajate pidevat farmidevahelist liikumist, külastajatelt tuleks nõuda kaitseriietuse kandmist, käte ja jalanõude desinfitseerimist, teenust pakuvad isikud peaksid desinfitseerima ka oma töövahendid. Loomade õueskäimise korral tuleks veenduda, et neil puudub kokkupuude teiste karjade veistega.

## Tänuavaldused

Autorid on väga tänulikud uuringus osalenud loomapidajatele nende panuse ja osavõtlikkuse eest. Täname Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli ASi töötajaid koostöö ja andmete edastamise eest. Uurimistööd finantseeris Eesti Teadusagentuur (grant PSG268).



### **Implementation of biosecurity measures and their association with herd status of infectious diseases on dairy cattle farms in Estonia**

Kerli Mõtus, Tuula Sihvonen, Dagni-Alice Viidu, Triin Rilanto, Arvo Viltrop

*This study revealed that several important biosecurity measures have not been widely applied on large Estonian dairy cattle farms. Regarding the introduction of infectious diseases there are daily risky contacts on dairy farms, e.g. purchase of animals, grazing cattle, movement of staff, visitors and service providers. However, a number of important measures, such as wearing of protective clothing by visitors and the use of disinfection barriers are not common on farms. We identified a link between farm biosecurity measures and the risk of herd infections. Employees visiting other herds or other units of the same herd increased the odds of a herd being positive for bovine herpesvirus 1. Providing protective clothing to visitors was associated with a lower risk of herd positive status for bovine herpesvirus 1, bovine viral diarrhoea virus and Salmonella Dublin. Hand disinfection at the entrances was protective for herd Mycoplasma bovis infection and service providers disinfecting their equipment before entering the farm was associated with a lower risk of a herd being infected with Mycoplasma bovis and Salmonella Dublin. We emphasize the importance of implementing biosecurity measures on dairy farms to prevent the introduction of important infections impairing cattle health and welfare and farm economic performance.*

### **Piimaveisefarmide vasikatalitajaid motiveerivad tegurid ja seos vasikate suremusega**

Dagni-Alice Viidu<sup>1\*</sup>, Triin Rilanto<sup>1</sup>, Toomas Orro<sup>1</sup>, Arvo Viltrop<sup>2</sup>, Tanel Kaart<sup>3</sup>, Kerli Mõtus<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EMÜ, veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, kliinilise veterinaarmeditsiini õppetool

<sup>2</sup>EMÜ, veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, veterinaarse bio- ja populatsioonimediitsiini õppetool

<sup>3</sup>EMÜ, veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, tõuaretuse ja biotehnoloogia õppetool

\*dagni-alice.viidu@emu.ee

### **Sissejuhatus**

Herzbergi motivatsiooniteooria on töörahulolu ja -motivatsiooni uurijate hulgas sageli kasutusel. Selle kohaselt saab töötajate motivatsiooni ja rahulolu mõjutada kahte erinevat tüüpi faktoritega, millest ühed on olulised vähendamaks rahulolematust ning teised tõstmaks motivatsiooni. Rahulolematuse kõrvaldamisele suunatud tegureid nimetatakse ka hügieeniteguriteks ning nende puudumine põhjustab töötajates rahulolematust, kuid rahulolematuse puudumine ei tõsta tingimata töötajate motivatsiooni. Hügieenitegurite alla kuuluvad muuhulgas palk ja töötingimused ning motiveerivate tegurite alla näiteks tunnustus, töö olulisus, meeldivus ning tööalased saavutused. Hästi motiveeritud ja oma tööga rahul olevad töötajad on produktiivsemad ja rohkem tööle pühendunud, võimaldades saavutada paremaid tulemusi.

Loomakasvatuse valdkonnas on motivatsiooni käsitlevad uuringud siiani pigem farmerite uurimisele keskendunud. Kaasaegsetes intensiivsetes tootmistingimustes, kus loomadega tegelevad sageli palgatöölised, võib ka töötajate motivatsioon tootmisnäitajaid oluliselt mõjutada, kuid seda valdkonda ei ole veel põhjalikult uuritud. Käesoleva uuringu eesmärk oli hinnata vasikatalitajate tööga rahulolu ja motiveeritust ning selle seost vasikate suremusega.

## Uurimistöö metoodika

Hindamaks tööga rahulolu ja motiveeritust ning selle mõju vasikate suremusele paluti vasikatalitajatel täita küsimustik erinevatesse teemavaldkondadesse kuuluvate väidetega. Küsimustiku täitmine oli vabatahtlik. Uuringusse kaasati juhuvaliku alusel 120 piimaveisekarja üle Eesti. Valim võeti karjadest, kus Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli AS-i andmetel peeti 2019. aasta alguse seisuga vähemalt 100 lehma ning kus lüpsilehmi peetakse vabapidamisel. Igasse farmi saadeti üks kuni neli küsimustikku, mis paluti täita vasikatalitajatel, kes olid vähemalt ühe aasta jooksul farmis vasikaid talitanud. Küsimustikud olid isikustamata ning koostatud eesti- ja venekeelsena. Igat uuringufarmi külastati üks kord perioodil august 2019 kuni juuli 2020. Küsimustik oli võimalik tagastada farmivisiidi käigus otse uurimisrühma liikmele või postitada anonüümselt küsimustikuga kaasas olnud adresseeritud ja margistatud tagastusümbrikuga. Küsimustik sisaldas muuhulgas küsimusi vasikatalitaja soo, vanuse, haridustaseme ja tööstaaži kohta ning sisaldas väiteid vasikatalitajate üldise motiveerituse, praeguses töökohas erinevate tingimustega rahulolu ja erinevate töös oluliste tegurite kohta, millele vastajad andsid hinnangu 7-punkti skaalal (1 – „ei nõustu üldse“ / „ei ole üldse oluline“, 7 – „nõustun täielikult“ / „väga oluline“).

Välja saadeti 237 küsimustikku, millest tagasi saadi 170 (72%) küsimustikku 102 erinevast farmist. Täidetud küsimustikest 23 olid venekeelsed ja 147 eestikeelsed. Iga uuringus osalenud farmi kohta täideti ka lisaankeet, millega fikseeriti farmis viimase jooksva aasta jooksul elusalt sündinud vasikate arv ja esimese kolme elunädala jooksul surnud (sh abistamata surm ja eutanaasia) vasikate arv. Vasikate suremuse arvutamiseks jagati visiidile eelnenud aasta andmetest tulenevalt esimese kolme elunädala jooksul surnud vasikate arv kõigi elusalt sündinud vasikate arvuga ning tulemus korrutati 100-ga. Vasikatalitajate rahulolu ja motiveerituse uurimiseks kasutati kõiki 170 täidetud ankeeti. Uurimaks rahulolu ja motiveerituse seost alla kolme nädala vanuste vasikate suremusega, jäeti välja ankeedid farmidest, mille kohta puudusid vasikate suremuse arvutamiseks vajalikud andmed ( $n = 9$ ) ja vasikatalitajatelt, kes ei talitanud alla kolme nädala vanuseid vasikaid ( $n = 4$ ) või kes olid töötanud farmis alla ühe aasta ( $n = 13$ ). Seoste tuvastamiseks kasutati Spearmani korrelatsioonanalüüsi.

## Tulemused ja arutelu

Uuringu tulemustest selgus, et vasikatalitajad olid enim rahul oma töögraafikuga (keskmine skoor 5,9) ja ülemuste suhtumisega nende töösse (5,6) ning kõige vähem rahul enesetäiendamise võimalustega (4,4), millele järgnes rahulolematuse palga suuruse (4,5) ja kaastöötajate töö kvaliteediga (4,8). Vasikatalitajad pidasid oma töös kõige olulisemaks teguriks vasikate head tervist (keskmine skoor 6,9), kuid oluliseks peeti muuhulgas ka töökeskkonda (6,6), töövahendite ja kaastöötajate töö kvaliteeti (vastavalt 6,5 ja 6,6), ülemuste suhtumist töösse (6,5) ning positiivsete emotsioonide kogemist tööl (6,5). Uuritud teguritest peeti teiste teguritega võrreldes mõnevõrra vähem oluliseks töötasu suurust (5,1) ja selle seotust töötulemustega (4,9). Töötajad, kes väitsid, et neile meeldib nende töö, tundsid ennast ka paremini motiveerituna oma tööd hästi tegema (korrelatsioonikordaja  $r = 0,41$ ,  $p < 0,001$ ).

Kuni 3-nädala vanuste vasikate aastane suremusrisk 90 uuringufarmis oli keskmiselt 4,8 % (vahemik 0%...23,3%). Farmides, kus vasikatalitajad olid vasikate suremuse tasemega rahul, oli vasikate suremus väiksem ja vastupidi ( $r = -0,29$ ,  $p < 0,001$ ). Samuti ilmnes vasikate suremusel nõrk negatiivne seos töötajate rahuloluga oma töökeskkonnaga ja töövahendite kvaliteediga ( $r = -0,17$ ,  $p = 0,047$  ja  $r = -0,21$ ,  $p = 0,015$ ), st farmides, kus töötajate rahulolu nende teguritega oli suurem, oli vasikate suremus madalam. Kuigi farmi suurus ei olnud seotud alla kolme nädala vanuste vasikate suremusega töötajate poolt olulisemaks peetud faktoritega, olid väiksemate farmide vasikatalitajad oma tööd puudutavate teguritega rohkem rahul, kui suuremate farmide töötajad.

## Kokkuvõte ja järeldused

Ühtides levinud motivatsiooniteooriatega mõjutavad vasikatalitajaid oma tööd hästi tegema eelkõige töö meeldivus, tööalased saavutused ja tunnustus ning motiveeritud töötajatega farmides oli vasikate suremus madalam. Parimate tootmistulemuste saavutamiseks tuleb siiski panustada ka hügieenitegurite, näiteks töötasu, töövahendite ja -keskkonna edendamisse, et vähendada rahulolematust ning luua alus töötajate motivatsiooni tõstmiseks.

Vasikatalitajate suurimaks motivaatoriks on vasikate hea tervislik seisund. Kaasates selle edendamise protsessi erinevaid spetsialiste, peaksid aruteludel ja koolitustel osalema ka vasikatalitajad, sest lisaks enesetäiendamise

vajadusele on oluline tunnustada nende panust ja olulisust eesmärkide saavutamisel ning kasvatada ühtsus ja -missioonitunnet. Vasikatalitajate tööalane rahulolu ja motivatsioon võimaldavad lisaks töötajate isiklikule õnnele saavutada ka madalamat vasikate suremust.

### **Tänuavaldused**

Autorid on väga tänulikud uuringus osalenud farmidele ja vasikatalitajatele ning Eesti Põllumajandusloomade Jõudluskontrolli AS-le ja Põllumajanduse Registrite ja Informatsiooni Ametile uuringuks vajalike registriandmete edastamise eest. Uurimistööd on finantseerinud Eesti Teadusagentuur (personaalse uurimistoetuse grant PSG268).

---

### ***Motivating factors for calfkeepers and associations with neonatal calf mortality on dairy farms***

*Dagni-Alice Viidu, Triin Rilanto, Toomas Orro, Arvo Viltrop, Tanel Kaart, Kerli Mõtus*

*Herzberg's motivation theory is widely used among job satisfaction and job motivation researchers. Well-motivated employees are more productive and committed and yield better results. In animal husbandry, motivational research has been focused more on farmers, but modern dairy farms are large and often include employees. Job satisfaction and motivation in dairy industry workers has not yet been thoroughly researched. This study was designed to assess the job satisfaction and motivation among calfkeepers on modern large dairy farms and analyse their associations with neonatal calf mortality. The results indicate that calfkeepers considered good calf health to be the most important factor in their work (average score 6.9 out of 7.0), but working environment (6.6), quality of working equipment (6.5) and co-workers' quality of work (6.6), as well as the attitude of supervisors (6.5) and experiencing positive emotions at work (6.5) were also rated highly among the examined factors. Salary and its dependence on work results were rated somewhat lower among those investigated (average scores 5.1 and 4.9 out of 7.0, respectively). A weak negative correlation was found between calf mortality and calfkeepers' satisfaction with working condi-*

*tions and quality of work equipment (correlation coefficient  $r = -0.17$ ,  $p = 0.047$  and  $r = -0.21$ ,  $p = 0.015$ , respectively), indicating that calf mortality was lower on farms where employees' satisfaction with these factors were higher. Calfkeepers are motivated mostly by the good health of the calves, pleasantness of the job, work-related achievements, good contributions from co-workers and recognition from supervisors. Improvements regarding factors associated with job dissatisfaction, e.g. salary, work equipment and working conditions should also be made to create a baseline for the further motivation of employees.*

## Sigade Aafrika katku alane olukord Euroopas ja Eestis 2018-2020

Arvo Viltrop

*EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, veterinaarse bio- ja populatsioonimediitsiini õppetool*

*arvo.viltrop@emu.ee*

Sigade Aafrika katku (SAK) levik Venemaal, Ukrainas ja Moldovas ei näita vaibumise märke. Kõigis neis riikides on viirus levimas kodusigade populatsioonis ning puhanguid esineb väikemajapidamistes kui suuremates tootmisfarmides. Nakkust esineb ka metssigadel, kuid nende roll epideemia õhutamises ei näi olevat määrav. Olukorrast Valgevenes otsesed andmed puuduvad, kuid kaudsed tõendid viitavad sellele, et SAK on levinud ka Valgevene koduseapopulatsioonis ja tõenäoliselt ka metssigade seas. Viimastel aastatel ei ole SAK-i ametlikult registreeritud Kaukaasia vabariikides, kuid SAK-i seire on neis riikides puudulik ning kaudsed tõendid viitavad sellele, et nakkus võib endiselt levida ka seal.

Euroopa Liidus (EL) oli SAK jõudnud 2018. aasta lõpuks 10 liikmesriiki: Eesti, Läti, Leedu, Poola, Tšehhi, Rumeenia ja Itaalia (Sardiinia) ning uued riigid, Ungari, Bulgaaria ja Belgia. SAK-i levikut jääb EL-is 2018. aastal iseloomustama viiruse levik kaugete vahemaade taha. Kõikidesse uutesse riikidesse levis viirus inimese abil ületades sadu kilomeetreid.

2019. aasta lõpuks oli EL-is SAK-ist tabandunud riike endiselt 10. Lisandus üks uus riik, Slovakkia, kuid üks riik, Tšehhi, tunnistati ametlikult SAK-i vabaks. Tšehhis õnnestus eduka taudi likvideerimiskava rakendamisega nakkusest metsseapopulatsioonis täielikult vabaneda. Slovakkiasse levis ametliku versiooni kohaselt viirus Ungarist metssigade vahendusel, ehkki viirus tuvastati esmalt kodusigadel ühes väikemajapidamises. Nakatunud riikide hulka lisandus Serbia, mis ei kuulu EL-i. Sinna levis viirus inimese vahendusel ilmselt Rumeeniast. Esimene kolle avastati keset Serbiat, Belgradi lähistelt kodusigade hulgas. 2019. aastat jääb ilmetama nakkuse ulatuslik ja kiire levik Rumeenias kodusigade hulgas ja Bulgaaria metsseapopulatsioonis. Mõlemal puhul tuleb kahtlustada inimese määravat rolli nakkuse levitamisel. Poolas tegi SAK pika hüppe Lääne suunas maandudes

Saksamaa piirist 10 km kaugusel metsseasurkonnas. Hea uudisena võisid Eesti ja Belgia deklareerida SAK-i vabasust kodusigade osas Maailma Loomatervise Organisatsioonile.

2020. aastal jõudis SAK taaskord kahte uude EL liikmesriiki – Kreekasse ja Saksamaale. Kreekas tuvastati nakkus kodusigadel ühes väikefarmis ca 300 km kaugusel lähimatest nakkuskolletest Bulgaarias, seega oli taas tegemist levikuga inimese abil. Õnneks puhang avastati kiiresti ja seni on see jäänud Kreekas ainukeseks. Nii tunnistas EL komisjon 2020 aasta sügisel Kreeka ametlikult SAK-i vabaks. Saksamaale levis SAK metssigade vahendusel üle piiri Poolast vaatamata piirile püstitatud elektritaradest. 2020. aastal jätkus SAK-i levikuala aeglane kuid pidev laienemine metsseapopulatsioonides Lätis, Leedus, Poolas, Slovakkias ja Ungaris. Rumeenias jätkus epideemia kodusigade hulgas, millesse olid haaratud nii väikemajapidamiste kui suuremate tootmisfarmide karjad. Positiivsele poolele jääb 2020. aastast Belgia kuulutamine ametlikult nakkusvabaks ka metssigade osas pärast edukat taudilikvideerimise kava elluviimist. Seega lõpetas EL 2020. aasta kümne nakatunud liikmesriigiga, ehkki riigid loetelus vahetusid.

Saksamaal registreeriti esimene juht metssigadel 10. septembril 2020. Praeguseks on tekkinud piirialadel Poolaga neli kollet. Kõik kolded on tarastatud ja püütakse nakkus likvideerida rakendades sarnaseid meetmeid nagu Tšehhis ja Belgias. Kodusigade hulgas ei ole seni ühtegi puhangut tekkinud.

Lätis ja Leedus näitab nakkuse aktiivne levik metssigade seas hääbumise märke ja piirneb veel riikide läänepoolseimate aladega. 2020. aastal registreeriti mõlemas riigis kolm puhangut kodusigade hulgas. Lätis paiknesid puhangukarjad kõik piirkonnas, kus nakkus levis aktiivselt metssigade hulgas. Leedus oli kaks puhangut riigi Lääne osas, kuid üks ka idas, mille puhkemist ei saa hästi seletada SAK-i levimisega metssigade seas.

Eestis oli viimane SAK-i puhang kodusigade hulgas 2017. aasta veebruaris. Viimane viiruspositiivne metssiga (enne 2020 aasta augustis tekkinud puhangut Raplamaal) tuvastati 2019. aasta veebruaris Läänemaal. 2019. aasta 6. veebruarist kuni 2020. aasta 28. augustini (rohkem kui 18 kuu vältel) tuvastati Eestis vaid üksikuid seroposiitivsete metssigade juhtumeid. 2019. aastal leiti seroposiitivseid loomi kõigis 14-s varem tabandunud maakonnas. Kaheksas maakonnas olid kõik avastatud seroposiitivsed loomad vanemad kui üks aasta, mis viitab sellele, et äsjaseid nakatumisi suure tõenäosusega ei ole olnud. 2020. aasta jaanuarist kuni augustini olid kõik avastatud sero-



positiivsed metssead vanuseklassis vanemad kui üks aasta. Seroposiitivsete metssigade levimus vähenes kõikides maakondades võrreldes 2019. aastaga. Valgamaalt ja Põlvamaalt aga ei leitud ka ühtegi seroposiitivset metssiga terve aasta vältel. Viimased seroposiitivsed metssead tuvastati seal vastavalt 2019. aasta jaanuaris ja juulis. Kõik see andis lootust, et viiruse levik Eesti metsseapopulatsioonis on lõppenud. 2020. aasta 28. augustil aga avastati ühes Raplamaa jahipiirkonnas Rapla vallas PCR-positiivne hukkunud metssiga. Järgnevatel kuudel tuvastati selles jahipiirkonnas kokku 13 (11 surnuna leitud ja kaks kütitud) PCR-positiivset metssiga, kõik umbes 3 km raadiusega alalt. 2020. aasta oktoobris kütiti samas piirkonnas 3 seroposiitivset, kuid PCR-negatiivset metssiga, kes olid nooremad kui üheaastased, tõenäoliselt nakatunud rühma ellujäänud põrsad.

Viimane PCR-positiivne juht Raplamaal enne uut puhangut registreeriti 2018. aasta veebruaris (ligikaudu 13 km kaugusel uuest koldest). Nende kahe leiu vaheline ajavahemik oli 30 kuud. Sel perioodil tuvastati Rapla maakonnas vaid üksikuid seroposiitivseid metssigu (kokku 16).

Rapla valla puhangu päritolu ei ole teada. Tõenäosus, et viiruse ringlus kohalikus metssigade populatsioonis on 30-kuulise perioodi jooksul jäänud avastamata, on väike. Rapla maakonnas kütitud seroposiitivsete loomade osakaal on kogu 30 kuuse perioodi jooksul vähenenud. Lisaks sellele on seroposiitivsed loomad olnud (ühe erandiga) täiskasvanud, mis viitab hiljutiste infektsioonide puudumisele. Võimalus, et viirus oleks keskkonnas 30 kuu jooksul ellu jäänud, ei ole samuti tõenäoline. Ainus võimalik viis, kuidas viirus nii kaua eluvõimelisena püsib on külmutatud kujul. Seega võib viiruse taaslevitamist inimese poolt pidada selle puhangu usutavaks põhjuseks. Kolmas, kuid tänaste teadmiste kohaselt ülimalt hüpoteetiline võimalus oleks viiruse levimine viirusekandjalt loomalt. Seni puuduvad tõendid selle kohta, et SAK-viiruse pikaajalised kandjad tõepoolest eksisteerivad. Kõige pikem aeg pärast nakatumist, mille vältel viirust on nakatunud sea kudedest isoleeritud on 500 päeva.

2020. aasta detsembris avastati ootamatult uued PCR-positiivsed metssead ka Põhja-Eestist, Viru-Nigula vallast. Tegemist oli kütitud metssigadega samast jahipiirkonnast. See leid oli veelgi ootamatum, sest Viru-Nigula vallast tuvastati PCR-positiivseid metssigu viimati 2017. aastal (40 kuu eest). Nii 2018. kui 2019. aastal ei leitud valla territooriumilt uuritud metssigade seas ühtegi ka antikehadega metssiga. Esimene antikehaposiitivse

metssea leid Viru-Nigula vallas oli 2020. aasta suvel pärast enam kui kahe aastast vaheaega.

Ka Viru-Nigula valla puhangu põhjus ei ole selged. Samadel kaalutlustel, millest eelpool juttu on ka siin peamiseks kahtlusaluseks inimese tegevus, mille tagajärjel on viirus uuesti loodusesse sattunud.

Kokkuvõtvalt peab tõdema, et SAK-i epideemia peamiseks tagant tõukavaks jõuks Euroopas tuleb lugeda inimtegevust, seda eelkõige SAK-i levitamisel kaugete vahemaade taha, aga ka lokaalselt. Metssead on selles protsessis pigem ohvrid kui süüdlased.

Tulevikuperspektiivis võib eeldada, et SAK-i aeglane, kuid pidev levik metsseapopulatsioonides lääne suunas jätkub riikides, kus nakkus on laialdase levikuga metssigade seas (Poola, Slovakkia, Ungari). Oodata on üksikuid sööstusid pikemate vahemaade taha, mille tulemusena võib eeldada haiguse puhkemist uutes või taaspuhkemist varem nakatunud olnud riikides. Lokaalsete puhangute korral üritatakse kindlasti haigus kiiresti likvideerida Tšehhi ja Belgia eeskujul. Võib karta, et viirus jääb veel pikaks ajaks endemilisena ringlema Ida-Euroopa ja Balkanimaade koduseapopulatsioonides. Seega jääb SAK suure tõenäosusega veel pikaks ajaks mõjutama Euroopa seakasvatusektorit ning Eestis, nagu ka mujal Euroopas, püsib kõrge SAK-i sissetoomise risk veel aastaid. Samas Eestil on hetkeolukorda arvestades võimalik saavutada nakkusvaba staatus lähema kahe aasta perspektiivis eeldusel, et praegused uued kolded ei arene teiseks laineaks ja me suudame käivitada piisavalt hea SAK-i seire, mille olulisim komponent on surnuna leitud metssigade uurimine SAK-i suhtes. Just sellel saab tuginema uus SAK-ist väljumise strateegia Euroopa Liidus.

---

### ***The African Swine Fever Situation in Europe and Estonia 2018-2020***

*Arvo Viltrop*

*The epidemiological situation of African swine fever in Europe and Estonia is described and analysed. The main trends in the spread of the disease during recent years are described and the routes of transmission as well as the main drivers of the epidemic are discussed. The most recent outbreaks of ASF among wild boar in Estonia are reviewed and possible reasons for them suggested.*



## Parmude (Diptera: *Tabanidae*) potentsiaal sigade Aafrika katku viiruse levitajatena Eesti metsseapopulatsioonis

Reet Herm\*, Lea Tummeleht, Arvo Viltrop

EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, veterinaarse bio- ja populatsioonimediitsiini õppetool

\*reet.herm@emu.ee

### Sissejuhatus

Sigade Aafrika katk (SAK) on väga nakkav ja raske kuluga kodu- ja metssigade viirushaigus, mis levib endeemiliselt Saharast lõunasse jääva Aafrika riikides. Euroopa riikides on haigus esinenud puhanguti. Haiguse praegune levik Euroopas sai alguse 2007. aastal Gruusias toimunud puhanguga. Viirus on tänaseks laialdaselt levinud paljudes Euroopa ja Aasia riikides (Penrith, 2020). Eestis sai haiguspuhang alguse 2014. aastal SAK positiivse surnud metssea leidmisega Läti piiri lähedal Valgamaal (Nurmoja jt., 2020).

SAK levib otsekontakti, saastunud pindade, söötade jm teel. Aafrikas on SAK-i lüljalgseteks siirutajateks *Ornithodoros* sugukonna pehme toeseaga puugid (Acari: *Argasidae*), kelle leviala ei ulatu Kesk- ja Põhja-Euroopasse (Gogin jt., 2013; Sánchez-Cordón jt., 2018). Esineb teoreetiline võimalus, et Kesk- ja Põhja-Euroopas soodustavad SAK viiruse levikut muud lüljalgsed siirutajad. See teooria tugineb faktile, et nii mets- kui kodusigade nakatumised on sesoonse iseloomuga ja sagedased kevad-suveperioodil kui lüljalgsete aktiivsus on haripunktis. Nakkust on leitud ka väga kõrge bioturvalisuse tasemega farmides (Nurmoja jt., 2020) ning SAK viirusega tabandunud farmidest või nende ümbrusest püütud kahetiivalistelt on isoleeritud SAK viiruse DNA-d (Herm jt., 2020; Turčinavičienė jt., 2020). Verdimevad kahetiivalised, eriti laudakärbsed (*Stomoxys calcitrans*) ja par mud (Diptera: *Tabanidae*) on mitme nakkushaiguse mehaanilised siirutajad, kuna toituvad elutsükli jooksul korduvalt ja tihti mitmel loomal ning läbivad

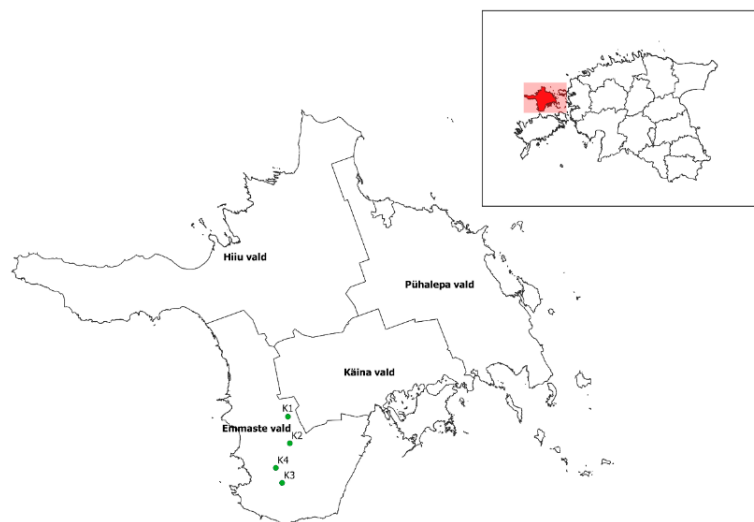
saakloomi otsides suuri vahemaid (Chenais jt., 2019; Saegerman jt., 2020). Laudakärbsed (*S. calcitrans*) on eksperimentaaluuringutes SAK viirust edasi kandnud (Mellor jt., 1987; Olesen jt., 2018). Parmude kohta sellised uurin gud puuduvad. Haiguse edasi kandmiseks loomlikes tingimustes peavad olema tagatud mitmed tingimused: siirutajat peab olema suurel hulgal ning tal peab olema vastuvõtliku populatsiooniga (antud juhul sigadega) piisavalt palju kokkupuuteid, samuti peab siirutaja haigustekitajat efektiivselt edasi levitama (toitudes mitmelt loomalt ning lennates suuri vahemaid) (Saegerman jt., 2020). Käesolev uuring otsib vastust küsimusele, kas ja kuidas suures osas toituvad par mud looduslikes tingimustes metssigadel. Selleks koguti par me metssigade peibutusplatsidelt kahel järjestikusel suvel par mude aktiivsuse ajal ning määrati nende kontakt metssigadega, kasutades sigade mitokondriaalse tsütokroom b (*cyt-b*) reaalaja PCR analüüsi (Forth, 2015).

### Uurimistöö metoodika

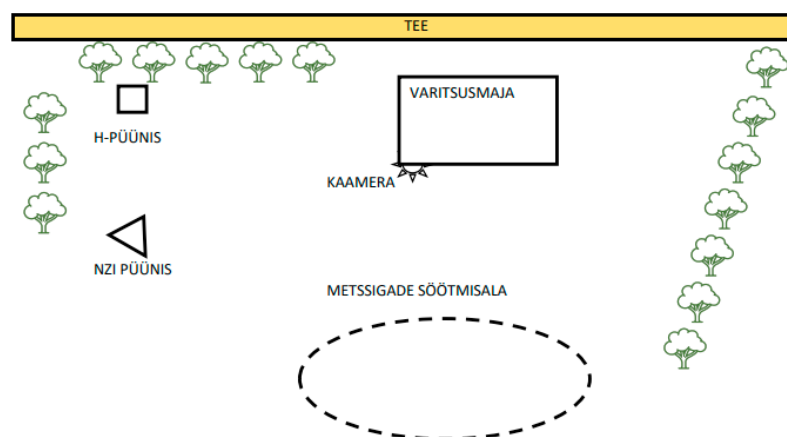
#### *Parmude kogumine ja säilitamine*

Parme koguti 2019. ja 2020. aasta suvel Hiiumaal, Emmastes sigade peibutuskohdade lähedusse paigutatud püünistega ning entomoloogilise putukavõrguga. 2019. aastal toimus püük kolmel perioodil: 24.–28.06., 22.–27.07. ning 16.–21.08. Esimeseks kogumispäevaks loeti püüniste üles seadmise, viimaseks püüniste maha võtmise päeva. 2020. aastal toimus püük ühel perioodil juulis (26.–31.07.). Kogumiskohti oli kolm: Söödimetsa (K1), Vanamõisa kraav (K2) ning Kiibuse (K3). 2020. aastal lõpetati kogumine Kiibusel 27.07. par mude vähesuse tõttu ning 28.07. seati püünised üles Viirele (K4) (joonis 1).

Kogumiskohtade valikul võeti arvesse metssigade esinemise tõenäosust antud piirkonnas (suuline informatsioon piirkonna jahimeestelt). Sigade kohalolu peibutuskohdades kontrolliti söötmisplatsile suunatud kaameraaga (Uovision UV595 infrapunaanduriga rajakaamera; Shenzhen, Hiina). Püünised seati üles 5–10 meetri kaugusele söödaplatsist (joonis 2).



**Joonis 1.** Parmude kogumiskohti Emmaste vallas, Hiiumaal, aastatel 2019 ja 2020 (rohelist markerid). Kaart koostatud kaardirakendusega QGIS.



**Joonis 2.** Püüniste paigutus kogumiskohas K4.

#### *Parmude kogumisel kasutati järgmisi püüniseid:*

2019. aastal paigutati igasse kogumiskohta üks peibutisega varustatud H-püünis (TaonX, Kerbl, Saksamaa). Peibutiseks kasutati kaks nädalat laagerdunud veise uriini koguses 50 ml püünise kohta, mille anum kinnitati püünise mantli alla. H-püünise alla maapinnale asetati  $25 \times 35 \times 5$  cm must veeanum, mis täideti ääreni veega ning veepinnale valati parmude ära lendamise takistamiseks 500 ml toiduõli (Egri jt., 2013).

2020. aastal paigutati igasse kogumiskohta üks H-püünis (TaonX, Kerbl, Saksamaa) ning üks ise valmistatud Nzi-püünis (S. Mihok (2002) järgi). Mõlemad püünised varustati peibutisega (50 ml kaks nädalat toatemperatuuril seisnud veise uriini segatuna 100 gr põhuga). Lisaks püüti igas püügikohas parme entomoloogilise putukavõrguga, skeemiga kaks püüdjat 20 minutit järjest, iga päev ajavahemikus 12.00–15.00. Püütud parmed surmati formaliiniga ning säilitati pimedas  $-20^{\circ}\text{C}$  juures kuni määramiseni. Püünistega püütud parmed säilitati 75% etanoolis, pimedas  $-4^{\circ}\text{C}$  juures.

#### *Parmude määramine ja molekulaargeneetiline analüüs*

Kõik püütud parmed määrati morfoloogiliste tunnuste järgi liigi või perekonna täpsusega (Chvala, 1972). Määratud parmed homogeniseeriti individuaalselt või koondproovidenä. Ühte koondproovi koondati samast püügikohast, samal kuupäeval ja samal pöögimeetodil püütud parmed, maksimaalselt viis parmu proovi kohta. Parmud asetati kotti (U-form extraction bag, BioReba, Šveits), millesse lisati 2000 µl milliQ vett ning parmed purustati käsiuhmri abil. Saadud vedelik säilitati 1,5 ml Eppendorffi katsutites  $-20^{\circ}\text{C}$  juures kuni DNA eraldamiseni. DNA eraldati, kasutades DNeasy Blood and Tissue Mini Kit'i (Qiagen, Saksamaa) vastavalt tootja juhiste. Parmude metsseakontakti uurimiseks määrati proovidest reaalka PCR meetodil sigade mitokondriaalne cytb geen, kasutades J.H. Forth (2015) kirjeldatud meetodikat. PCR analüüsid viidi läbi Rotor-Gene Q analüsaatoriga (Qiagen, Saksamaa), kasutades QuantiTect Multiplex PCR kit'i (Qiagen, Saksamaa).

Andmetöötluseks kasutati programmi Microsoft Excel 2016.

## Tulemused ja arutelu

Kokku püüti kahel aastal 753 parmu, neist 2019. aastal kolmel püügiperioodil 183 parmu ja 2020. aastal ühel püügiperioodil 570 parmu, millest valdav enamus (496 isendit ehk 87%) püüti putukavõrguga. Kahe aasta jooksul püütud parmude hulgast identifitseeriti 8 erinevat parmuliiki. Lisaks tuvastati 13 parmu *Hybomitra* perekonnast, kelle täpset liigilist kuuluvust ei suudetud tuvastada. Liigi täpne määramine morfoloogiliste tunnuste alusel on selle perekonna parmudel keeruline või kohati võimatu. Kõigist parmudest 719 ehk 95,5% kuulusid liiki *Haematopota pluvialis* ehk sõgelane, moodustades 90,7% (166 isendit) 2019. aastal püütud parmude koguhulgast ning 97% (553 isendit) 2020. aastal püütud parmude koguhulgast. Perekonnade *Tabanus* (veiseparme) ja *Hybomitra* isendeid esines vähesel määral (kumbagi 13 isendit ehk 1,7% püütud parmude koguhulgast) (tabel 1).

**Tabel 1.** Hiiumaal Emmastes püütud parmu aastatel 2019 ja 2020. Arv kajastab kõiki püünise tüüpe ning kogumisperioode.

Perekond	Liik	Aasta		Kokku
		2019	2020	
<i>Atylotus</i>	<i>A. fulvus</i>	1	-	1
	<i>A. plebeius</i>	2	-	2
<i>Haematopota</i>	<i>H. crassicornis</i>	-	4	4
	<i>H. pluvialis</i>	166	553	719
<i>Heptatoma</i>	<i>H. pellucens</i>	1	-	1
<i>Hybomitra</i>		13	-	13
<i>Tabanus</i>	<i>T. bovinus</i>	-	10	10
	<i>T. bromius</i>	-	1	1
	<i>T. maculicornis</i>	-	2	2
				753

Mitte ükski 2019. aastal püütud parmudest ei osutunud *cyt-b* PCR positiivseks, millest järeldub, et nad ei olnud imenud metssigade verd. Artikli avaldamise ajaks ei ole kogu 2020. aastal kogutud materjali veel analüüsitud.

Eestis on hetkeseisuga 36 liiki parmlasi (Jürison, 2016); uuringul püüti 8 eri liiki parme (*Hybomitra* perekonda kuuluvaid parme ei määratud liigini). *H. pluvialis* suurt osakaalu püütud parmude seas võib seletada mitmeti. Näiteks suhteliselt pikk ööpäevane aktiivsusperiood (võivad soojadel öödel

rännata ka öösi) muudab nende püünistesse sattumise tõenäolisemaks (Stubbs ja Drake, 2014). Parmud lendavad oma puhkekohtadest puude ja põõsaste lehestikus välja saaklooma märgates, kuid putukavõrguga püüdes on selleks püüdja ise. *H. pluvialis* toitub meelsasti inimestel (Stubbs ja Drake, 2014) ja tõenäoliselt meelitab inimene seda liiki parme suuremal hulgal kohale kui parme, kes eelistavad toituda suurematel loomadel. Samuti on parmude aktiivsusperiood ööpäeviti erinev. Kuna võrguga püük toimus iga päev keskmiselt samal ajaperioodil, võisid püüdmata jääda teistsuguse ööpäevase aktiivsusega parmu. Samas ei saa need olla ainsad põhjused, kuna ka *H. pluvialis* oli püünistes peamiselt esindatud.

Metssigade kontakti puudumist, st metssigade verest mitte toitumist saab seletada mitmeti. Vähestes uuringutes parmude saakloomaelistuste kohta on sigadest või metssigadest toitunud parmude osakaal olnud väga madal, jäädes kõigist positiivse tulemuse andnud parmudest alla 5% (Muzari jt., 2010) ja olenevalt püügipiirkonnast 2–16% (Baldacchino jt., 2014). Püünistesse lendavad tõenäolisemalt saaki otsivad, verd mitte imenud emased parmu - varasemate uuringute järgi on verdimenud isendite osakaal püünistes 2,2–3,2% (Baldacchino jt., 2014; Muzari jt., 2010). Verd imenud parmude väike osakaal kombineerituna madala tõenäosusega, et parmu on toitunud metsseal, muudab püütud parmude väikese arvu korral sigadel toitumise avastamise vähe tõenäoliseks.

Eelpool mainitud uuringutes leiti, et metssigade verd imesid *Hybomitra* ja *Tabanus* perekonna liigid. Mainitud parmu olid Eestis püütud parmude koguhulgas vähesel määral esindatud (1,7% koguhulgast), mis ei võimalda nende rolli kohta sigadel toitumisel edasisi järeldusi teha.

## Kokkuvõte ja järeldused

Esialgsel uuringul ei leidnud kinnitust parmude toitumine metssigadest. Hetkeseisuga on uuritud materjali ebapiisavalt, et saadud tulemuste põhjal täpsemalt öelda, millist rolli metssead looduses parmude toiduallikana mängivad.

## Uurimistöö edasine käik

Uuringut korratakse 2021. aasta suvel pikema perioodi vältel, mil kogumist

teostatakse peibutisega varustatud Nzi püünistega viies kogumiskohas Tartumaal, kus on kinnitatud metssigade olemasolu. Samuti on kavas samal meetodil koguda metsa sattunud laudakärbseid (*S. calcitrans*), et selgitada nende rolli metssigadel toitumisel.

### Tänuavaldused

Uuringut rahastati EMÜ baasfinatseerimise vahenditest (P170193). Autorid tänavad Emmaste jahiseltsi liikmeid igakülgse abi ja informatsiooni eest.

### Kasutatud kirjandus

- Baldacchino, F., Gardès, L., De Stordeur, E., Jay-Robert, P., Garros, C. 2014. Blood-feeding patterns of horse flies in the French Pyrenees. *Vet. Parasitol.* 199(3–4):283–288.
- Chenais, E., Depner, K., Guberti, V., Dietze, K., Viltrop, A., Ståhl, K. 2019. Epidemiological considerations on African swine fever in Europe 2014–2018. *Porc. Health Manag.* 5:6.
- Chvála, M., Lyneborg, L., Moucha, J. 1972. The Horse Flies of Europe (Diptera, Tabanidae). Copenhagen: Entomological Society of Copenhagen, 498 p.
- Egri, A., Blahó, M., Száz, D., Kriska, G., Majer, J., Herczeg, T., Gyurkovszky, M., Farkas, R., Horváth, G. 2013. A horizontally polarizing liquid trap enhances the tabanid-capturing efficiency of the classic canopy trap. *Bull. Entomol. Res.* 103(6):665–674.
- Forth, J.H. 2015. Standardisierung eines nicht-invasiven Beprobungssystems zur Infektionsüberwachung bei Wildschweinen (*Sus scrofa*). Ernst-Moritz-Arndt-Universität Greifswald, Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät.
- Gogin, A., Gerasimov, V., Malogolovkin, A., Kolbasov, D. 2013. African swine fever in the North Caucasus region and the Russian Federation in years 2007–2012. *Virus Res.* 173(1):198–203.
- Herm, R., Tummeleht, L., Jürison, M., Vilem, A., Viltrop, A. 2020. Trace amounts of African swine fever virus DNA detected in insects collected from an infected pig farm in Estonia. *Vet. Med. Sci.* 6(1):100–104.
- Jürison, M. 2016. Eesti parmlaste (Tabanidae) liigiline koosseis ja nende iseloomustus. Bakalaureusetöö loodusturismi erialal. Eesti Maaülikool, 105 lk.
- Mellor, P.S., Kitching, R.P., Wilkinson, P.J. 1987. Mechanical transmission of capripox virus and African swine fever virus by *Stomoxys calcitrans*. *Res. Vet. Sci.* 43:109–112.
- Mihok, S. 2002. The development of a multipurpose trap (the Nzi) for tsetse and other biting flies. *Bull. Entomol. Res.* 92(5):385–403.
- Muzari, M.O., Burgess, G.W., Skerratt, L.F., Jones, R.E., Duran, T.L. 2010. Host preferences of tabanid flies based on identification of blood meals by ELISA. *Vet. Parasitol.* 174(3–4):191–198.
- Nurmoja, I., Mõtus, K., Kristian, M., Niine, T., Schulz, K., Depner, K., Viltrop, A. 2020. Epidemiological analysis of the 2015–2017 African swine fever outbreaks in Estonia. *Prev. Vet. Med.* 181:104556.
- Olesen, A.S., Lohse, L., Hansen, M.F., Boklund, A., Halasa, T., Belsham, G.J., Rasmussen, T.B., Bøtner, A., Bødker, R. 2018. Infection of pigs with African swine fever virus via ingestion of stable flies (*Stomoxys calcitrans*). *Transbound. Emerg. Dis.* 65(5):1152–1157.
- Penrith, M.L. 2020. Current status of African swine fever. *CABI Agriculture and Bioscience*, 1(1):1–26.
- Saegerman, C., Bonnet, S., Bouhsira, E., De Regge, N., Fite, J., Etoré, F., Garigliany, M.-M., Jori, F., Lempereur, L., Le Potier, M.-F., Quillery, E., Vergne, T., Vial, L. 2020. An expert opinion assessment of blood-feeding arthropods based on their capacity to transmit African swine fever virus in Metropolitan France. *Transbound. Emerg. Dis.* 00:1–15.
- Sánchez-Cordón, P.J., Montoya, M., Reis, A.L., Dixon, L.K. 2018. African swine fever: A re-emerging viral disease threatening the global pig industry. *Vet. J.* 233:41–48.
- Turčinavičienė, J., Petrašiūnas, A., Bernotienė, R., Masiulis, M., Jonušaitis, V. 2020. The contribution of insects to African swine fever virus dispersal: data from domestic pig farms in Lithuania. *Med. Vet. Entomol.* 1–6.

---

*Tabanids (Diptera: Tabanidae) as potential African swine fever vectors in the Estonian wild boar population*

Reet Herm, Lea Tummeleht, Arvo Viltrop

*The aim of the study was to investigate the role of tabanids as wild boar pests in Estonia. Tabanids were collected in the summers of 2019 and 2020 with traps and entomological nets and were tested for wild boar contact by cytochrome b real-time PCR. Of 753 tabanids collected, 183 have so far been tested. None of the tested tabanids had evidence of wild boar contact, but the majority of the individuals remain to be tested.*

## **Omavalmistatud kuivsööda mõju võõrdepõrsaste kasvudünaamikale**

Varpo Vare

EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, söötmisteaduse õppetool

varpo.vare@student.emu.ee

### **Sissejuhatus**

Sööt on seakasvatustes kõige suurem kuluartikkel, moodustades tootmise kogukuludest kuni 70%. Kvaliteetne sööt tagab looma tervise ja jõudluse ning võimaldab ka ravimite sh antibiootikumide kulu vähendada. Oma söödatehas tagab võimaluse kontrollida pidevalt sööda kvaliteeti ja vajadusel operatiivselt reageerida muutustele. Tänapäeval kujundab söödakomponentide hindu börs, olles pidevas muutumises. Söödaratsioonide oluliste komponentide (nt teravili, sojasrott, rapsikook, söödaõli ja premiksid) hinnad kujundavad valmissööda lõpphinda. Liialt kallid söödaratsioonid võivad tulu vähendada, kuigi samas peavad kõik vajalikud toained olema loomale tagatud. Seega tuleb pidevalt jälgida loomade tervist ja kasvukiirust, veendumaks, et tootmise ökonoomika ja efektiivsus oleks tagatud.

### **Uurimistöö metoodika**

Söötmisskatsed viidi läbi farmis, kus kasvatatakse võõrdepõrsaid (valdavalt djuroki × jorkširi-landrassi ristandid) elusmassiga 25–30 kg. Võõrutusperioodi järel viiakse võõrdepõrsad nuumafarmi, kus sead realiseeritakse elusmassiga 110–115 kg. Uuringus osalenud farmides kasutatakse kuivsööda automaate. Võõrdepõrsaste pidamistingimused on kõikides osakondades samasugused.

2020. aasta kevadel sai ettevõtte kasutusloa toota söödatehasel valmissööta kõikidele vanuserühmadele (imetav emis, tiine emis, starter, kesik ja nuumik). Omavalmistatud söödatoomisega paralleelselt hakati farmis jälgima ka võõrdepõrsaste kasvukiirust ja tervislikku seisundit. Söödaratsiooni hinna kujundamisel lähtuti optimaalsetest söödanormidest ja konkurentsivõime-



lisest hinnast turul pakutavate samalaadsete söötadega. Oma söödatehases valmistatud startersööda hinnaks saadi 270 eurot/tonn. Kolme söödatootja poolt pakutud starteri hinnaks kujunes vastavalt 327, 289 ja 270 eurot/tonn.

Kontroll-kaalumisteks valiti kahest kõrvuti asetsevast laudast, teatud perioodidel võõrutusse tulnud põrsaste hulgast 20–30 isendiga grupid. Põrsaste keskmine võõrutamisvanus oli 25 päeva. Kontrollgrupi loomi kaaluti üks kord nädalas ja saadud tulemusi võrreldi Taani seakasvatuse vastavate tootmisnäitajatega (tabel 1).

**Tabel 1.** Taani sigade keskmised kehamassid ja eeldatav keskmine ööpäevane massi-iive nuumaperioodil (25–100 kg) sõltuvalt vanusest (Christiansen, 2005 järgi).

Vanus, nädalates	Keskmine kehamass, kg				
0	1,4	1,4	1,4	1,4	1,4
1	2,2	2,2	2,4	2,5	2,6
2	3,6	3,7	4,0	4,5	4,8
3	5,3	5,6	6,0	6,2	7,0
4	6,5	6,8	7,5	8,5	9,5
5	8,0	8,5	9,0	10,0	11,0
6	10,5	11,0	11,5	12,0	13,5
7	13,0	14,0	15,0	16,0	16,0
8	16,0	17,0	18,0	19,0	20,0
9	19,0	21,0	21,0	22,0	23,0
10	23,0	24,0	25,0	26,0	28,0
11	27,0	29,0	31,0	33,0	33,0
Eeldatav keskmine ööpäevane nuumaperioodil (25-100 kg), grammides	750	800	850	900	950

Igas sulus oli kaks söödaautomaati ja loomadel oli juurdepääs söödale kahelt poolt. Sulu magamisaladel olid varikatused ja soojendatav betoonpõrand. Sulu jalutamis- ja söömisala oli kaetud plastikust restpõrandaga.

Neli päeva pärast võõrutamist said põrsad ühest söödaautomaadist granuleeritud pre-starterit, mida eelnevalt söödeti põrsastele ka poegimise osakonnas emise juures. Teisest söödaautomaadist hakkasid võõrdepõrsad saama oma söödatehases valmistatud startersööta, mida söödeti neile vabalt (*ad libitum*) kuni 65–72 päeva vanuseni. Peale seda viidi loomad nuumafarmi.

## Tulemused ja arutelu

Maikuu kontrollgruppide nuumajõudlusnäitajad uues ja vanas laudas on esitatud tabelites 2 ja 3. Ettevõtte uues laudas toimusid võõrutused kolmapäeviti ja vanas laudas neljapäeviti.

**Tabel 2.** Esimese grupi loomade nuumajõudlusnäitajad uues laudas.

Kaalumise kuupäev	Vanus päeva	Loomade arv	Kogumass, kg	Keskmine kehamass, kg	Perioodi ööpäevane juurdekasv, g
06.05.20	25	26	234	9,36	360
15.05.20	33	26	275	10,5	311
22.05.20	40	26	343	13,1	371
29.05.20	47	26	430	16,5	478
05.06.20	54	26	521	20,3	500
12.06.20	61	26	641	24,6	659

Keskmine võõrutusmass uues laudas peetud esimese grupi (tabel 2) loomadel oli 9,36 kg ja vanas laudas (tabel 3) peetud loomadel vastavalt 8,8 kg. Kui võrrelda kogutud andmeid (tabel 1) sigade juurdekasvu näitajatega Taanis, siis võiks uue lauda 1. grupi loomade keskmiseks ööpäevaseks massi-iibeks nuumaperioodil prognoosida 950 g. Vana lauda 1. grupi loomade vastav prognoos oleks aga 900 g ööpäevas. Mõlema grupi järgmisel kaalumisel täheldati väikest ööpäevase massi-iibe langust, mis oli arvatavasti põhjustatud võõrutusele järgnenud stressist ja uuele söödale üleminekust. Järgmistel perioodidel püsivad mõlemad grupid juurdekasvu kaalugraafikus, kus olid eelmisel nädal. Sigade mass-iibed järgnevatel kaalumistel pidevalt suurenesid ja 60 päeva vanuselt kaalusid vanas laudas peetud põrsad rohkem (25,9 kg) kui uues laudas (24,6 kg). Samas püsisid mõlema grupi loomad 950 g ööpäevase massi-iibe graafikus. Uue lauda grupp viidi varem ümber nuumafarmi, kuna osakond tuli vabastada järgnevatele põrsastele. Vana lauda grupi sead saavutasid enne ümberpaigutamist keskmiseks ööpäevaseks juurdekasvuks 785 g ja keskmiseks kehamassiks 31,4 kg, mis lõi eelduse saavutada nuumaperioodi massi-iibeks 1000 g ööpäevas.

**Tabel 3.** Esimese grupi nuumajõudlusnäitajad vanas laudas.

Kaalumise kuupäev	Vanus päeva	Loomade arv	Kogumass, kg	Keskmine kehamass, kg	Perioodi ööpäevane juurdekasv, g
28.05.20	26	30	264	8,8	338
05.06.20	33	30	311	10,3	223
12.06.20	40	30	433	13,4	433
19.06.20	47	30	521	17,3	561
26.06.20	54	30	642	21,4	576
02.07.20	60	30	779	25,9	761
09.07.20	67	30	944	31,4	785

Oktoobris ja novembris moodustatud uutesse katsegruppidesse (tabel 4 ja 5) valitud loomade keskmised võõrutuskaalud olid uues laudas 6,8 kg ja vanas laudas 8,2 kg. Ka nende gruppide puhul täheldati nädal peale võõrutust (33 päeval) väike ööpäevase massi-iibe langus, mida võib taaskord seostada üleminekuga ühelt söödalt teisele ja võõrutuse järgse stressiga. Järgnevatel kontroll-kaalumistel täheldati mõlemas grupis massi-iibe tõus. Väiksema võõrutuskaaluga põrsad (tabel 4) kasvasid perioodi alguses aeglasemalt (41 päeva vanuselt 262 g), kuid 49 päeva vanuselt oli nende massi-iive juba 467 g ööpäevas ja edaspidi jätkas suurenemist. Kui võrrelda uue lauda 2. gruppi Taani näitajatega, siis 69 päevaste võõrdepõrsaste keskmise kehamassi (26,4 kg) põhjal võiks nuumaperioodil prognoosida 900 g ööpäevast juurdekasvu.

**Tabel 4.** Teise grupi nuumajõudlusnäitajad uues laudas.

Kaalumise kuupäev	Vanus päeva	Loomade arv	Kogumass, kg	Keskmine kehamass, kg	Perioodi ööpäevane juurdekasv, g
21.10.20	25	29	199	6,8	274
29.10.20	33	29	238	8,2	168
06.11.20	41	29	299	10,31	262
13.11.20	49	29	357	12,3	467
19.11.20	55	29	457	15,7	574
27.11.20	62	29	609	21	655
04.12.20	69	29	768	26,4	758
11.12.20	76	29	919	31,68	743

Vana lauda 2. grupi loomade keskmine võõrutuskaal oli 8,2 kg, mis eeldas nuumaperioodi prognoositavaks juurdekasvuks 900 g ööpäevas (tabel 1), aga 68 päeva vanuste loomade keskmine kehamass (28,4 kg) suurendas nuumaperioodi arvatavat massi-iivet 950 g-ni ööpäevas. Kui aga arvestada selle grupi loomade viimase nelja ööpäeva (04.01.–08.01.21) massi-iivet (1026 g), siis võib prognoosida isegi 1000 g või enamast ööpäevast juurdekasvu. Seda muidugi eeldusel, et sööda kvaliteet ei halvene.

**Tabel 5.** Teise grupi nuumajõudlusnäitajad vanas laudas.

Kaalumise kuupäev	Vanus päeva	Loomade arv	Kogumass, kg	Keskmine kehamass, kg	Perioodi ööpäevane juurdekasv, g
25.11.20	25	19	157	8,2	330
04.12.20	33	19	182	9,5	164
11.12.20	40	19	244	12,8	466
18.12.20	47	19	297	15,6	398
28.12.20	57	19	403	21,2	557
04.01.21	64	19	461	24,3	442
08.01.21	68	19	539	28,4	1026

Jõusööda lõpphinna kujundavad üksikute söödakomponentide hinnad turul ja börs. Antud uuringust selgus, et omavalmistatud starteri hind võrreldes turul saadaolevate samade toodetega oli konkurentsivõimeline. Omavalmistatud starter ei mõjunud negatiivselt erinevate katsegruppide loomade juurdekasvu ega tervislikku seisundit. Seega oli oma sööda valmistamine ja söötmine ka majanduslikult efektiivne.

### Kokkuvõte

Antud katseperioodil saavutatud jõudlusnäitajad võõrdepõrsastel, keda söödeti omavalmistatud söödaga, andsid väga hea alguse kesiku ja nuumiku kasvuperioodiks. Kõikide katsegruppide võõrdepõrsaste tervislik seisund oli hea ja nad viidi pärast katse lõppu nuumafarmi. Oma söödatehase valmistatud sööda kvaliteet püsis stabiilne ja olulisi muutusi kvaliteedinäitajates ei täheldatud. Seega sööda hinna ja kvaliteedi suhe oli samuti positiivne. Oma söödatehas tagab võimaluse kiirelt reageerida ka siis, kui on vaja söö-

daratsiooni koostist muuta. Näiteks turu hinnasurve tulemusel saab kiiresti asendada ühe komponendi teisega ja seeläbi söödaratsiooni optimeerida. Suured söödatehased peavad arvestama ka paljude teiste klientidega ja ladudes olevad fikseeritud hindadega ostetud söödakomponentide (teravili, sojasrott, aminohapped jne) kogustega, mis mõjutavad seal valmistatavate ratsioonide lõpphinda.

### Kasutatud kirjandus

Christiansen, J.P. 2005. The Basics of Pig Production. Landbrugsforlaget, Danish Agricultural Advisory Service, National Centre, p. 216.

### *Effect of self-prepared dry feed on growth dynamics of weaning pigs*

Varpo Vare

*Feeding experiments were performed on a commercial farm where weaners (mostly Duroc × Yorkshire-Landrace crosses) with a live weight up to 25-30 kg are reared. The animals were weighed once a week and the results were compared with the corresponding production figures for Danish pig farming. The performance achieved during the experimental period in weaned piglets fed with self-prepared feed provided a very good start to the subsequent growing and finishing periods. Comparing the collected data with the growth rates of pigs in Denmark, the average daily weight gain of the animals during the fattening period could be estimated at 950-1,000 g in Estonia.*

## Sigade Aafrika katku tõrjemeetmete aktsepteeritus seapidajate poolt. Osalusuuring Eestis

Lidiia Moskalenko<sup>1</sup>, Arvo Viltrop<sup>1\*</sup>, Kerli Mõtus<sup>2</sup>

<sup>1</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja Loomakasvatuse instituut, veterinaarse bio- ja populatsioonimeditiini õppetool

<sup>2</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja Loomakasvatuse instituut, kliinilise veterinaarmeditsiini õppetool

\*arvo.viltrop@emu.ee

Sigade Aafrika katk (SAK) on haigus, mis tekitab sealihasektorile suurt muret üle maailma. Selle laialdane geograafiline levik Euraasias viitab inimese keskele rollile nakkuse levitamisel. Varasematest uuringutest on selgunud, et seapidajate otsuseid mõjutavad mitmed sotsiaalmajanduslikud tegurid, nagu üldine elatustase ja farmi kogutulu, karja suurus, sigade ja sea-kasvatussaadustega kauplemine, juurdunud seisukohad seapidajate hulgas, sotsiaalsete võrgustike kvaliteet ning suhted teiste sidusrühmadega. Need on peamised tegurid, mis mõjutavad SAK-i puhkemist ja levikut kodusigade hulgas. Samas SAK-i tõrjemeetmed on kavandatud haiguse kõrvaldamiseks seapopulatsioonist. Nende rakendamise edukus võib aga sõltuda sellest, mil määral seapidajad neid aktsepteerivad.

Käesoleva uuringu eesmärk oli hinnata SAK-i tõrjemeetmete aktsepteeritust seapidajate hulgas. Lisaks selgitati seapidajate teadlikkust SAK-i kliinilisest tunnustest, selle levikuteedest ja ennetusmeetmetest. Uuriti ka milliseid SAK-i tõrjega seotud sidusrühmi seapidajad peavad oluliseks ja milline on nende usaldus erinevate partnerite suhtes ning milliseid takistusi ja raskusi on nad kogenud tõrjemeetmete rakendamisel.

Uuring põhines fookusgrupi intervjuudel, mis viidi läbi osalusuuringu meetodil. Intervjueeriti kümnet fookusgruppi üle Eesti, milles osales kokku 35 farmijuhatajat.

Uuringu esialgsetest tulemustest selgus, et farmijuhatajad pidasid kõige olulisemaks nakkuse seakarja sissetoomise mooduseks viiruse ülekannet töötajate ja külastajate vahendusel, millele järgnes nakkuse ülekanne põllumajandustehnika jm veokite vahendusel. Kõige efektiivsemaks SAK-i ennetusmeetmeks peeti personali koolitamist bioturvalisuse alal ja külastajate instrueerimist, millele järgnes farmi territooriumi tarastamine.

Nakatunud farmis rakendatavatest tõrjemeetmetest, olid intervjueeritavate arvates kõige aktsepteeritavamad farmi karantiniseerimine ning puhastus ja desinfitseerimine. Samas loomade hukkamine ja hävitamine oli kõige vähemaktsepteeritud meede. Valdavalt ei olnud farmijuhatajatele aktsepteeritav, et hukkamisele kuuluvad ka kliiniliselt terved sead.

SAK-i puhanguga kaasnevate piirkondlike kitsenduste tagajärgedest seafarmile pidasid farmijuhatajad kõige olulisemaks piiranguid sealihaga kauplemisele ja sellega kaasnevat majanduslikku kahju. Sellele järgnesid kitsendused elusloomade liikumisele. Need olid ka kõige ebameeldivamad tagajärjed seapidajatele, millele järgnev oli täiendavate farmikontrollide toimumine kitsendustega tsoonides.

SAK-i tõrjemeetmete kehtestamisel ja elluviimises osalevatest sidusrühmadest kõige suuremat rolli nägid farmijuhatajad seapidajatel endil, kellele järgnesid pädevad riigiasutused – Veterinaar- ja Toiduamet ning Maaeluministeerium. Lisaks nähti olulist rolli Eesti Maaülikoolil ja jahimeestel. Kokku nimetati 20 sidusrühma, kellel on mingi roll kanda SAK-i tõrjes.

Seakasvatavate arvamuste ja ootustega arvestamine tõrjemeetmete kavandamisel ja rakendamisel võib aidata kaasa SAK-i likvideerimisele kodusea populatsioonides. Tõrjemeetmete eesmärkide mõistmine ja seeläbi suurem aktsepteerimine tagab ühtlasi selle, et neid korrektselt järgitakse. Meie uuringu tulemustest võib järeldada, et Eesti seapidajatel on selge arusaam SAK-iga seonduvatest riskidest ja nad on hästi teadlikud nende vältimise meetoditest. Samas ei ole teatud meetmed, mida rakendatakse puhangu tekkimise korral karjas või piirkondlikult seapidajate poolt aktsepteeritavad. See näitab, et meetmete vajalikkuse osas on jätkuvalt vaja teha selgitustööd, ning riigil on vaja leida majanduslikke hoobasid SAK-i negatiivsete mõjude leevendamiseks.

### ***Farmers' acceptance of control measures against African Swine Fever. A participatory study in Estonia***

*Lidiia Moskalenko, Arvo Viltrop, Kerli Mõtus*

*African Swine Fever (ASF) is a devastating viral disease of domestic pigs and wild boar, which at present poses a major global concern for the pig industry. Its wide geographical spread indicates the central role of human activities in transmission of the infection. Social-economic factors such as subsistence level, gross income, herd size, slaughter practices, trade patterns for pigs or meat products, peer pressure, quality of social networks and relationships with other stakeholders have been identified as the main drivers of farmers' decision-making affecting the emergence and spread of ASF in the domestic pig production cycle. Control measures designed to eliminate the disease and implementation quality may be impacted by the farmers' level of acceptance towards these measures. Using participatory methods, this study aimed to estimate the acceptance of ASF control measures among pig farmers. Furthermore, the study intended to reveal farmers' awareness of clinical signs of ASF, possible virus introduction routes, preventive measures, involved stakeholders and the level of trust of the existing ASF network. Additionally, the research aimed to discover which obstacles farm managers faced during the implementation of the measures intended to combat ASF.*

## Üle-euroopaline lihaveisekasvatuse võrgustik BovINE

Airi Külvet

Liivimaa Lihaveis MTÜ  
airi@liivimaalihaveis.ee

Euroopa Liidu kümne liikmesriigi moodustatud võrgustiku BovINE (*Beef Innovation Network Europe*) eesmärk on keskenduda regiooni veisekasvatusektoris tegutseva 255 000 farmeri vajadustele. Võrgustikku on kaasatud 17 organisatsiooni ning koordinaatoriks on Iirimaa põllumajanduse ja toidu-instituut Teagasc. Võrgustik tegeleb kestlikkusega seonduvate küsimustega, mille on veisekasvatajad ise määratlenud. Selle raames teevad koostööd veisekasvatajad, põllumajandusorganisatsioonid, nõuandjad, teadlased ja muud sidusgrupid. Üheskoos töötatakse välja praktilisi uuendusi, mida võtta kasutusele Euroopa veisekasvatusfarmides. Teadmiste vahetamise hõlbustamiseks ja ühistöös valminud lahenduste omaksvõtmiseks vajab BovINE teadlaste, nõuandjate, farmerite ja muude asjakohaste veisekasvatustalade osaliste fookuseeritud koostööd.

Võrgustik BovINE tugineb farmide teadmistele neljas omavahel seotud võtmetähtsusega valdkonnas:

- sotsiaalmajanduslik säilenõtkus
- looma tervis ja heaolu
- tootmisefektiivsus ja kvaliteet
- keskkonna säästmine

Nimetatud teemadele tuginedes tuvastab BovINE ka sellised uurimistulemused, mida taludes pole veel laialdaselt kasutusele võetud. Lisaks uuritakse nende kasutusvõimalusi praktikas, juurutades need näidisena veisekasvatustalades üle kogu Euroopa. Veisekasvatajate ja teadlaste vahelise tõhusa koostöö edendamise kaudu loob BovINE riikide ülese nõuandesüsteemi, soodustades teadmiste vahetust rahvusvahelisel tasandil ning suurendab seeläbi sektori majanduslikku elujõulisust ja kestlikkust Euroopas.

Võrgustiku alaeesmärgid:

- luua Euroopa Liidu veisekasvatajate, põllumajandusorganisatsioonide, teadlaste, nõuandjate, teiste põllumajandusasjatundjate ning asjaomaste osaliste võrgustik, mis juhindub neljast alamteemast (sotsiaalmajanduslik säilenõtkus, looma tervis ja heaolu, tootmisefektiivsus ja liha kvaliteet ning keskkonna säästmine), ning üheksa riiklikku/piirkondlikku alamvõrgustikku,
- määrata kindlaks ja analüüsida veisekasvatajate pakilisi teabevajadusi, arvestades piirkondlikke ja riiklikke erisusi, hinnatakse sellise teabe levitamiseks sobilikke kanaleid ja formaate,
- luua Euroopa veisekasvatustes tegevatele asjaosalistele ligipääsetav internetiarhiiv (BovINE'i eksperditeadmiste keskus) praktikasse juurutatavatest uuringu tulemustest ja headest tavadest, millele on antud tasuvushinnang ning mida on analüüsitud, kas need vastavad veisekasvatajate vajadustele,
- töötada välja ja jagada lõppkasutajale mõeldud infomaterjalid, tutvustades asjaomastele sihtrühmadele (veisekasvatajad, nõustajad, õigusloome spetsialistid) häid tavasid ja kasutusvalmis uuringutulemusi,
- koguda lõppkasutajatelt ideid edasiseks innovatsioonil tuginevaks uurimistegevuseks ning teavitada sellest EIP-AGRI võrgustikku ja õigusloojaid.

Võrgustiku uudistega saab end kursis hoida Facebookis, Twitteris ning Instagramis. BovINE koduleht <http://www.bovine-eu.net/>

---

### **Pan-European beef network BovINE**

Airi Külvet

*BovINE is an EU funded thematic network project focused on knowledge exchange to help address the challenges and drive the sustainability of the European beef farming sector and community. The project will connect with farmers across Europe by providing an open platform – the BovINE Knowledge Hub – where beef farmers, advisers, member organisations and researchers can exchange knowledge and share experiences to drive awareness and adoption on farm of innovative and proven practices.*



## Tootjaorganisatsioon Eesti Liha – võimalused ja koostöö

Anu Hellenurme\*, Meeli Lindsaar, Kaie Laaneväli-Vinokurov

*Eesti Põllumajandus- ja Kaubanduskoda*

\*anu@anuait.ee

Iga Eesti inimene väärib võimalust süüa puhast, kvaliteetset ja jätkusuutlikult toodetud kodumaist liha. Oleme eesmärgile väga lähedal, kuid mitmed suured teod tuleb veel ühiselt korda saata – alates tõuaretuse edendamisest ja lõpetades liha väärindamisega. Just siin saab tõusta eestvedajaks tootjaorganisatsioon „Eesti Liha“.

Täna seisame silmitsi olukorraga, kus liha import mõjutab oluliselt Eesti lihatootjate sissetulekuid. Näiteks 2019. aastal imporditi liha 121 miljoni euro eest. See on summa, mis teistsuguses olukorras oleks võinud jõuda Eesti lihatootjateni ja panustanud maapiirkondade arengusse.

Kahjuks peame täna ka tõdema, et meil on küll mitmeid tublisid toidutööstusi, kuid nende poolt loodud lisandväärtus on jätkuvalt üle kahe korra madalam kui Euroopa Liidus keskmiselt. Vaadates 2020. aasta esialgseid tulemusi, selgub, et Eestist väljaveetavate elusloomade kogus varasemaga võrreldes kasvanud. Elussigade eksport kahekordistus läinud aastal. Täna olukorda loomakasvatustes saab võrrelda 1990. aastate puiduäri, kui väärindamise asemel müüdi meie langetatud metsad ümarpalgina maha. Selline trend lihaekspordis seab pikas perspektiivis ohtu nii loomakasvatajate jätkusuutlikkuse kui Eesti toidujulgeoleku tervikuna.

### Omavahelise konkureerimise asemel koostöö

Ettevõtted on läbi aegade üksteisega kasumliku arengu nimel konkureerinud, võidelnud oma koha eest turul ja püüelnud eristumise poole. Eluterve konkurents motiveerib paremini tegema ning viib edasi. Kuid omavaheline konkureerimine nii väikeses riigis kui seda on Eesti, takistab arengut.

Milline suund aitaks meil edu saavutada? Mis aitaks meid välja punases ookeanis valitsevast verisest konkurentsist, nagu nimetavad konkurentsiolekorda oma raamatus „Sinise ookeani strateegia“ autorid W. Chan Kim ja Renée Mauborgne? Mis aitab meid sinisesse ookeani?

Sinise ookeani strateegia on lühidalt öeldes eristumine, mis võib meid viia uutele turgudele, nii uute toodete kui geograafiliste turgude mõistes. Sinise ookeani strateegia ei peitu uusima tehnoloogia kasutuselevõtus, vaid asjade teistmoodi tegemises, olemasolevate võimaluste andekamas ärakasutamises. See ei nõua suuri summasid, see nõuab ajude tööle panemist.

Väidame, et Eesti loomakasvatuse suur võimalus, laiemalt võttes ka kogu toidusektori võimalus, on **koostöö ja ühistöö**, kuidas kellelegi meeldib öelda. Ühistöö puudumine on üks peamine põhjus, miks põllumajandus kipub viimastel aastatel takerduma. Liialt palju tegutseme individuaalselt. Erinevate sektorite ja valdkondade vahel puudub side ning optimeeritakse Exceli tabeli abil. Nii sõnas Tallinna Ülikooli loodus- ja terviseteaduste professor Kristjan Port mullu novembris peetud „Talust taldrikule“ konverentsil.

Kui me aga asendame oma mõtetes vastandumise ja omavahelise konkurentsi koostöö ja kollektiivse konkurentsivõimega, hakkavad ka käitumusmustrid muutuma. Koostöö siinkohal ei ole umbmäärane ja laialivalgav mõiste, vaid kõigi osapoolte poolt omavahel kokku lepitud tegevused eesmärgi saavutamiseks

Tänases Eestis tähendaks see, et ostja leiab poest toiduainetööstuses väärindatud puhta ja kindlaks määratud kvaliteediga rikkaliku lihavaliku; esmatootjale ehk loomakasvatajale on tagatud liha eest aus ja jätkusuutlik hind; riik saab tugevad ja maksujõulised maapiirkonnad. Eesmärgi täitumisel võidavad kõik osapooled.

### Tootjaorganisatsiooni Eesti Liha olulisim roll

Jõudmaks eelmainitud ambitsioonika eesmärgini tagada Eesti inimestele puhas ja kvaliteetne lihavalik, tuleb püstitada konkreetseid ja täidetavaid vahe-eesmärke ning luua nende saavutamiseni viiv tegevuskava. Nii nagu iga eesmärgi saavutamiseks on ka siin vaja motiveeritud eestvedajat. Juhtrolli hakkabki täitma tootjaorganisatsioon Eesti Liha, kes koondab looma-

kasvatajad ühiselt tegutsema, kaasates dialoogi toidutöösturid, riigi esindajad, teadlased, kaupmehed, ekspordiekspertid ja kõik teised, kelle ühise töö tulemusena seatud eesmärk saavutatakse.

Ajaloo on ette näidata Eesti Peekoni edulugu. Tegemist ei olnud ju lihtsalt lihaekspordiga, vaid koordineeritud ühistööga, kus iga osapool – alates tõuaretajatest ja lõpetades diplomaatidega – andis eesmärgi saavutamise nimel oma panuse. Tänapäeval on kollektiivse konkurentsi edendamiseks kõige paremini hakkama saanud meie IT-firmad. Konkureerides küll omavahel Eestis, on nad leidnud oma huvides ühisosa ning Eesti eduloo rääkimisel maailmas seljad kokku pannud.

Kas tootjaorganisatsioon „Eesti Liha“ hakkab vastanduma erinevatele loomakasvatajate ühendustele? Kindlasti mitte, nemad hakkavadki seda ühist organisatsiooni moodustama. Loomakasvatajad-esmatootjad, kes on Eesti põllumajanduse vundamendiks, on majanduslikult äärmiselt keerulises olukorras. Kuid nagu öeldakse, paat ei liigu edasi, kui igaüks sõuab oma suunas.

Tootjaorganisatsiooni „Eesti Liha“ õnnestumisel peame kõige olulisemateks teguriteks läbipaistvust, austust ja pidevat dialoogi. Täna oleme tootjaorganisatsiooni asutamise esimeses etapis, kus tutvustame ideed ning kaasame huvitatud osapooli. Sellele järgneb meeskonna kokkupanek ning seejärel töötame välja liikmelisuse tingimused, teeme kokkulepped ning püstitame järgmised vahe-eesmärgid.

### **Millega hakkab tootjaorganisatsioon Eesti Liha tegelema?**

Tootjaorganisatsioon Eesti Liha koondab siinsed loomakasvatajaid ja liha- tootjaid; töötab koostöös oma liikmetega välja kvaliteedikava, viib ellu ühisinvesteeringud ning pakub oma liikmetele erinevaid teenuseid, suurendades seeläbi oma liikmetest lihatootjate sissetulekuid ning tugevdades nende positsiooni tarneahelas.

Sisuliselt on tegemist kindlatele kriteeriumitele vastava põllumajandusühistuga, mis:

- erandina konkurentsieeskirjadest kasutab õigust oma liikmetest lihatootjate nimel nende kogutoodangu või selle osaga seoses kavandada tootmist, optimeerida tootmiskulusid, viia tooteid turule ja pidada läbirääkimisi nii kodumaiste kui ekspordi tarnelepingute üle.

- optimeerib investeeringutasuvuse, mis on seotud kõrgema lisandväärtusega toodete tootmise, logistika, kõrvalsaaduste ja jäätmete käitlemise ning keskkonnavalustele ja looma heaoluga seotud standardite järgimisega;
- optimeerib oma liikmete kulusid ning maandab strateegilisi riske;
- osutab tehnilist abi tootekvaliteedi ühtlustamiseks, tootarenduseks ning uute tehnoloogiate juurutamiseks;
- koolitab oma liikmeid;
- edendab ringmajandust ning jätkusuutlikku ja keskkonnasõbralikku loomakasvatust.

Oluline on leida tee, et suur osa tarbijate rahast, mis praegu läheb ulatusliku lihaimpordi tõttu Eestist välja, jääks meie loomakasvatajaile, samuti meie ettevõtlusesse. Kui igal aastal ringleks maapiirkondades 100-120 miljonit eurot rohkem, siis selle positiivses mõjus ei ole põhjust kahelda. Valdkondi, mis ootavad ühist panustamist, on palju rohkem kui üks.

### **Isevarustatus ja liha väärindamine**

Esimene ülesanne on peatada liha isevarustatuse taseme langustrend. Veise- liha isevarustatus on üldiselt heas seisus – 98%, kuid alles mõni aasta tagasi ületas see näitaja 120%. Sealiha isevarustatus on 70%, kanalihal umbes 50% ehk pool meie eestlaste poolt tarbitavast kanalihast tuuakse mujalt. Ja mõelge, millal nägite tavalises toidupoes ilusa kodumaise lamba- või pardiliha rikkalikku valikut?

Lisaks liha ja lihatoodete isevarustatuse kindlustamisele (kas veel keegi arvab, et oleme tulevikus kriiside eest kaitstud?) on oluline tagada toidulaua liha- ja lihatoodete mitmekesisus. Et traditsioonilise sea-, veise ja kanalihaga kõrval oleks meie poodides pidevalt olemas ka kodumaine lammas, part, hani, vutt, küülik. Seda enam, et mõne aasta taguse uuringu järgi eelistavad eestlased kodumaist liha, sealiha puhul kuni 90% eestimaalastest. Miks me neile seda ei paku?

Eesti põllumajandusele on oluline, pidades silmas ka keskkonna- ja sotsiaalset aspekti, et siin kasvanud loomad väärindatakse kohapeal. Ka siin valitseb praegu kummastav olukord: kõrgete kvaliteedinäitajatega sead, lambad ja veised viiakse Eestist välja, kus need Leedus, Türgis ja Poolas lähevad

otseteed tapamajja. Teistpidi ostame sama liha Poolast tagasi, makstes seega oma kasvatatud loomade väärimise Poolas kinni.

Ehk tulles tagasi ümarpalgi näite juurde, kus suurima panuse, koguni 55% puidupõhiste toodete osakaalust andsid tunamullu puitmajad, -ehitusdetailid, -mööbel ja saematerjal. Ka lihasektoris peaks olema eesmärgiks võimalikult kõrge osa väärimine Eestis. Siit tuleneb tootjaorganisatsiooni Eesti Liha järgmine suur ülesanne: kuidas muutuks Eestis kasvatatud loom meie toidutööstustele tõeliselt atraktiivseks?

### **Loomakasvataja kui oivaline partner toidutööstusele**

Keegi ei saa sundida Eesti toidutööstust eestimaist liha ostma, kuid loomakasvatavad peavad suutma pakkuda sellise kvaliteedi ja mahuga tooteid, et tööstustel tekiks huvi meie toodangut importlihale eelistada.

See tähendab, et tootjaorganisatsioonist Eesti liha peab saama väga hea partner toidutööstustele. Tagada tuleb vajalikud tarnekogused ja kvaliteet. Selleks saabki tunnustatud tootjaorganisatsiooni esimeseks ülesandeks ühtlase nõutud kvaliteedi tagamine. See saavutatakse, leppides kokku ühtsetes kvaliteedistandardites.

Palju on meie loomakasvatajatele juba ette antud – sobilik kliima, puhas loodus ja mitmekesised karjamaad – me ei tohi seda rikkuda. Lisaks järgivad loomakasvatajaid loomade jätkusuutliku ja loomasõbraliku kasvatamise ning liha kvaliteedi tagamise nõudeid. Samuti töötatakse selle nimel, et tarbijad oleksid teadlikud liha päritolust ja kvaliteedist.

Tulevikus tuntakse kaubamärki „Eesti Liha“ nii Eestis kui väljaspool kui kõrgeimale kvaliteedistandardile vastavat liha.

### **Tõuaretus**

Eestis kasvatatakse praegu üle 17 lihaveisetõu. Kui me tahame arendada lihaveisekasvatust majandusharuna, siis tuleb küsida, millega eristume? Ühtset kvaliteedistandardit on keeruline pakkuda, kui algupärane on juba nii erinev. Sama lugu on lambakasvatusega, ka siin on Eesti kompaktsed standardid loomiseks sektor liiga tõugudekirju. Peame tõuaretuses ja geneetikas kokku leppima, sest läbi geneetika ja aretustegevuse saame oma lihatootmises eristuda.

### **Looma heaolu ja bioohutus**

Mõistagi peab üheks kvaliteedistandardiks olema looma heaolu ja tervis. Üks eesmärk võiks olla antibiootikumivaba loomakasvatus ja GMO-vaba sööda kasutamine, samuti heaolu standard loomade pidamisel. Me ei kasvata lihtsalt loomi, me kasvatame iseendale toitu. Igaloomakasvataja soov peaks olema toota kvaliteetset puhast toitu ning olla osa „Talust taldrikule“ strateegiast.

Loomakasvatajatel on alustuseks vaja omavahel palju asju selgeks rääkida ja kokku leppida: ravimite kasutamine, loomade kasvatamise tingimused, ühtlase kvaliteedi tagamine, bioohutuskavade väljatöötamine, ringmajanduse ja biomajanduse põhimõtete rakendamine ja palju muud. Õnneks on meil lihatootmise igas sektoris häid näiteid väga edumeelsetest ja tublidest tegijatest, kuid loomakasvatus Eestis tervikuna tuleb viia uuele tasemele.

Soovime väga julgustada neid inimesi Eestis, kes meie uues maailmas tahavad teha päriselt koostööd-ühistööd kodumaise toidutootmise heaks. Rikastades Eestit mitmekesise ja kvaliteetse toodanguga, mille järele teistes riikides nõudlust oleks.

Eestimaa rikkus – ka neis piirkondades, mis on pealinnast kaugel - kasvab ainult ühel viisil: üksteisele väärtust luues, toetades üksteise ettevõtmisi ja pidades kinni kokkulepetest. Hoolides kõikidest inimestest, kelle töö tulemusel on meie toidulaua kodumaisest toorainest valmistatud toit.

Oleme mõttekaaslastega kaua otsinud teed, mis aitaks meie lihasektoril sinisesse ookeani jõuda, ning parim võimalus on koostöö. Me näeme, et selline lähenemine on end õigustanud teistes riikides – saame nende kogemusi kasutada – ning mis peamine, siin ei ole kaotajaid.

Ei omavahelisele konkureerimisele, roheline tuli koostööle! Nagu ütleb konsulent Nelly Oinus: üheskoos ühes suunas liikudes saavutame edu.

### **Producer organisation „Eesti Liha“ – opportunities and cooperation**

Anu Hellenurme, Meeli Lindsaar, Kaie Laaneväli-Vinokurov

*Today, we are facing a situation where meat imports significantly affect the incomes of meat producers and the food industry. For example, in 2019, meat was imported into Estonia for a value of 121 million Euros. Our aim was to establish a producer organisation in Estonia, so that consumers can find a rich selection of quality meat in the supermarkets, to guarantee a fair and sustainable price for their meat to the primary producers, so that the state will have successful enterprises and ensure the sustainability of rural areas. The leading role will be played by the producer organization Estonian Meat (Eesti Liha), which will bring together livestock farmers and the food industry, state representatives, scientists, traders, export experts and all other parties whose cooperation will help to achieve the common goal. All planned activities by produced organization is expected to reduce Estonian producers' reliance on imported meat giving them a competitive advantage.*

## **Väikemäletsejaliste pidamine vajab nutikaid täppispidamise ja digitaaltehnoloogia arenguid Eestis**

Peep Piirsalu

*EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, söötmisteaduse õppetool*

*peep.piirsalu@emu.ee*

Maapiirkondade majandused Euroopa riikides toetuvad loomakasvatusele ka väikemäletsejaliste pidamisel. Lamba- ja kitsekasvatus on peamiselt levinud väheviljakamate aladega piirkondades, kus ei ole otstarbekas tegeleda teiste põllumajandusvaldkondadega. Vaatamata edusammudele täppispidamise (TP) ja digitaaltehnoloogiatega (DT) kasutamisele põllumajanduses, on olnud nende rakendamine väikemäletsejaliste pidamise juures aeglane. Euroopa riikide lamba- ja kitsekasvatustes on enamasti kasutusel ekstensiivsed pidamisviisid, mida rakendatakse keerulistes kliimaatilistes ja topograafilistes tingimustes nn. vähemviljakatel aladel (inglise keeles *less favoured areas*). Kuid paljudel juhtudel on lihalambakasvatus ja piimakitsede/-lammaste pidamine seotud pool-ekstensiivsete ja pool-intensiivsete süsteemidega (näiteks Eestis), kus loomi peetakse loomapidamishoonetes vaid teatud perioodidel aastas ja loomi karjatatakse karjatamisperioodil. Samas kasumimarginaali tagamiseks on vajadus suurendada karjade suurust. Järjest enam pitsitab lamba- ja kitsekasvatuse oskustööjõu vähesus. Selle tagajärjel hooldatakse suurem arv loomi väiksema arvu inimeste poolt. Sellest lähtuvalt on vaja tõsta kasvatajate teadlikust olemasolevate täppispidamise ja digitaaltehnoloogiatega kasutamiseks ning parandada digitaaltehnoloogiatega teadmussiiret väikemäletsejaliste sektoris. Samal ajal on vaja teada põhjusteid riigiti, mis on piiranud uute tehnoloogiatega kasutusele võttu leidmaks vajaduste rahuldamiseks töötavaid lahendusi.

Alanud koostöö projekti (Sm@RT - *Small Ruminant Technology - Precision Livestock Farming and Digital Technology for Small Ruminants*) eesmärgiks on luua pikaajalsed, töötavad koostöövõrgustikud, mis julgustaksid TP ja DT rakendamist väikemäletsejaliste pidamisel. Projektis keskendutakse kolmele

tootmistüübile: lihalambakasvatus, piimakitse- ja piimalambakasvatustele. Eestis on valitud kolme tootmistüübi asemel kaks: lihalambakasvatus ja väikemäletsejaliste (lammas + kits) piimatootmine, kuna piimalammaste kasvatamisega on alles alustatud vaid kahes ettevõttes. Projekti toimimiseks moodustati konsortsium üheteistkümnest teadus-õppeasutusest: Šotimaa Maaülikool (*Scotland's Rural College*) - projekti koordinaator, Moredum Uurimisinstituut (*Moredum Research Institute*)- mõlemad Ühendkuningriigist, Teagasc (Iirimaa), Institut de l'Élevage, INRAE ja In Extenso Innovation Croissance (kõik kolm Prantsusmaalt), Norra Bioökonoomia Uurimisinstituut (*Institute of Bioeconomy Research*), Iisraeli Põllumajanduse Uurimisinstituut (*Agricultural Research Organisation*), Agris- Sardegna Instituut Itaaliast, Debreceni Ülikool Ungarist ja Eesti Maaülikool. Seega hõlmab projekt üksteist õppe-uurimisasutust kaheksast riigist. Projekt algas 1. jaanuaril 2021 ning kestab kolm aastat.

Projekti taotlemisel andsid Eestis alamprojektile toetuskirjad Eesti Lamba- ja Kitsekasvatajate Liit, Eesti Tõulammaste Aretusühing, Maaelu Edendamise Sihtasutus, Olustvere Teenindus- ja Maamajanduskool, Eesti Põllumajandus-Kaubanduskoda.

Projekti võrgustike osadeks on igas riigis osalev võrgustikuvaldur (Eestis siinkirjutaja), teaduslik-tehniline rühm (projektiga liitunud teadlased, Eesti Maaülikoolis prof. D. Arney, prof. T. Kaart, artikli autor, doktorandid M. Soonberg, G. Marcone, F. Carnovale), digi- ja innovatiivseid lahendusi pakuvad farmid, väikemäletsejate kasvatamisega seotud koostöökogu. Selline koostöökogu moodustatakse igas riigis väikemäletsejaid pidavatest ettevõtetest, aretusorganisatsioonidest, konsulentidest, teadlastest, põllumajanduskoolidest, õppeasutustest. Eestis kuuluksid siia projektis osalevad ettevõtted (Eesti Maaülikool, Eesti Lamba- ja Kitsekasvatajate Liit, Eesti Tõulammaste Aretusühing, Maaelu Edendamise Sihtasutus, Olustvere Teenindus- ja Maamajanduskool, Eesti Põllumajandus- Kaubanduskoda), digi- ja innovatiivseid lahendusi pakuvad farmid ja nendest huvitatud farmid jm. Projekti liikmete käsitlese järgi mõeldakse digifarmi all kõige kaasaegsema sisustuse ja tehnoloogiaga lihalamba- ja/või piimakitse/piimalamba farmi (kummaski üks farm, kui olemas), mis on varustatud tervikliku digitaal tehnoloogiaga või mõne digitaal tehnoloogia elemendiga. Digifarmid leiavad intensiivsemalt kasutamist seal toimuvate õppepäevade käigus, jäädes uute tehnoloogiate kasutusele võtmise võimendajateks ja testimispaikadeks. Innova-

tiivsed farmid on võrreldes digifarmidega tagasihoidlikuma sisseseade ja DT kasutamisega lihalamba- ja piimakitse/piimalamba farmid. Igas riigis valitakse välja erinevate tootmissuundade kohta kolm innovatiivset farmi, kus toimuvad samuti DT lahenduste demonstreerimine nii riigisiseste kui rahvusvaheliste õppepäevade kaudu. Koostöövõrgustikud luuakse nii riigisisest kui rahvusvahelisel tasemel kõigi projekti struktuuri elementide vahel. Praktilised õppepäevad toimuvad konsortsiumi moodustavate asutuste digifarmides, et näha sealsete DT lahenduste toimimist erinevate riikide ettevõtetes. Riikide koostöökogud püüavad leida sobivaid DT lahendusi just koduriigi lamba- ja kitsekasvatus ettevõtetele.

Projekti läbiviimiseks moodustati viis erinevat töösuunda, nn. töopaketti, millel on oma struktuur, eesmärgid ja juhid. Tööpakett 1 keskendub erinevate tasandite koostöövõrgustike loomisele (võrguhaldurid, teaduslik-tehnilised rühmad, digifarmid, innovatiivsed farmid, koostöökogud). Tööpakett 2 hindab tootmisfarmide vajadusi, huvisid, uute lahenduste omaksvõtmise soove ja olemasolevaid lahendusi. Tööpakett 3 viib läbi riigiti DT lahenduste inventuuri ja moodustab andmebaasi olemasolevate DT tehnoloogiate osas. Tööpakett 4 keskendub laialdasele ja efektiivsele kommunikatsioonile kasutades tänapäevaseid sotsiaalmeedia platvorme, meediat, kirjalikke juhendeid, videoklippe valmislahenduste levitamiseks. Tööpakett 5 on seotud projekti ja konsortsiumi juhtimise ja haldamisega.

Osapooled loodavad, et projekt aitab väikemäletsejate DT kogemusi jagada nii kohalikul kui rahvusvahelisel tasandil võimaldades nutikate tehnoloogiate sisulise teabe levitamise kaudu suurendada põllumajanduse tõhusust ja jätkusuutlikkust Euroopas kui Eestis.

## Tänuavaldused

Projekti V200145VLST Nutikas väikemäletsejate tehnoloogia- täppispidamine ja digitaal tehnoloogia väikemäletsejaliste pidamisel (Sm@RT - *Small Ruminant Technology - Precision Livestock Farming and Digital Technology for Small Ruminants*) on rahastatud Euroopa Liidu teadus- ja innovatsiooniprogrammist Horisont 2020, RUR-15-2020 Teemaatilised võrgustikud teadmiste koondamiseks praktikutele, grandid leping nr. 101000471.



### ***Small Ruminant Production in Estonia also needs Smart Precision Livestock Farming and Digital Technology Developments***

Peep Piirsalu

*Rural economies across Europe, and associated countries, rely heavily on small ruminant (SR) systems, particularly in areas unsuitable for other agriculture purposes. Despite recent advances in precision livestock farming (PLF) and digital technologies (DT) to improve farm practices, the SR sector shows a slow rate of practitioners' uptake. There is a need to improve awareness and knowledge transfer of the potential of technology applications and return on investment not only in Estonia but also in other European Countries. This Sm@RT project will develop a long-term, self-sustainable European network to encourage the use of PLF and DT across the SR sector. The network will stimulate knowledge exchange and cross-fertilisation amongst a wide range of stakeholders, including drawing upon the valuable input and knowledge from farmers to farmers, to help increase uptake across the industry. The project will use an original interactive transdisciplinary and multi-actor approach, relying on well-equipped demonstration farms ('digifarms') and innovative commercial farms to foster exchanges with the SR industry. Sharing of experience across both local and transnational levels will create wider opportunities to collect and exchange knowledge, thus enabling communication and dissemination of information and guidelines widely, and thereby increasing the efficiency and sustainability of SR farming in Europe. The project started on 1<sup>st</sup> January 2021, and will run for three years. There are 11 partners and eight countries involved (the UK, Ireland, Norway, Estonia, France, Italy, Hungary and Israel). It is funded by the European Union's H2020 research and innovation programme, RUR-15-2020 Thematic networks compiling knowledge ready for practice, grant agreement no. 101000471.*

### **Eesti piimaveiste populatsiooni kirjeldamine genoomaretusväärtuste alusel**

Tõnu Põlluäär<sup>1,2\*</sup>, Tanel Kaart<sup>1</sup>, Haldja Viinalass<sup>1</sup>, Hardi Tamm<sup>3</sup>

<sup>1</sup>EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, tõuaretuse ja biotehnoloogia õppetool

<sup>2</sup>Eesti Tõuloomakasvatavate Ühistu

<sup>3</sup>Piimaklaster MTÜ

\*tonu.polluaar@etky.ee

#### **Sissejuhatus**

Pikaajalise eduka aretustöö tulemusena on Eesti veisepopulatsioonid jõudsalt arenenud ja lehmade toodangutulemused on võrreldavad maailma omadega. Praeguselt tasemelt edasi liikumiseks on aga vaja võtta kasutusele uuemad aretustehnoloogiad. Näiteks paljudes riikides juba 5–10 aastat rakendatav genoomseleksioon. Genoomiinfo annab aretuses varasemaga võrreldes rohkem ja täpsemat informatsiooni nii looma jõudluse, sigivuse, välimiku kui ka tervise kohta. Samuti kiireneb oluliselt aretustöö (Kaart, 2011; Meuwissen jt., 2016). Genoomseleksiooni rakendamise eelduseks on aga geneetilisel kirjeldatud loomade võrdlusbaasi ehk referentspopulatsiooni loomine – mida mahukam see on, seda täpsemad on hinnatavad genoomaretusväärtused – ja siin on väikese loomade arvuga riikidel võimatu üksi midagi ära teha. Samas ei ole ka suured riigid olnud väikeste kaasamisest huvitatud – tulud ei kaalu kulusid üles. Nüüd on aga asjaolud muutunud, väikeseid riike püüab kaasata Interbull (Rahvusvaheline Pulvide Hindamiskeskus) ja ka genoomaretusväärtusi hindavad konsortsiumid vaatavad lisanduvatele väikestele populatsioonidele paremini. Tänu hästi arenenud jõudluskontrollisüsteemile ja loomakasvatavate teadlikkusele on Eestil potentsiaal olla seni Euroopas genoomseleksiooni konsortsiumitest kõrvalejäänud riikide innovatsiooni veduriks. Eesti piimaveiste populatsiooni hindamiseks genoomaretusväärtuse alusel on Piimaklastri juhtimisel kaasatud Eesti Tõuloomakasvatavate Ühistu, Tervisetehnoloogiate Arenduskeskus AS ja Eesti Maaülikool.

## Uurimistöö metoodika

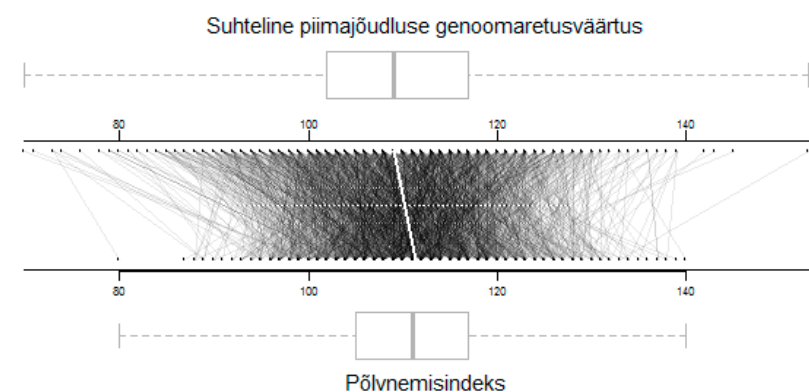
Projekti käigus moodustati 2000 eesti holsteini tõugu (EHF) lehmiku juhuvalim (ligi 10% aastas sündivatest lehmvasikatest) 100 suurimat piimakarjast, samuti valiti 200 eesti punast tõugu lehmikut seda tõugu enam pidavatest karjadest. Holsteini tõugu veiste proovid saadeti genotüpiseerimiseks ja genoomaretusväärtuste hindamiseks Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.-sse (VIT, Saksamaa) ja eesti punast tõugu lehmikute proovid VikingGenetics'sse (Taani), et saada vastavalt Saksamaa ja Põhjamaade skaalal hinnatud genoomaretusväärtused.

## Andmete kirjeldus

2021. aasta jaanuari lõpuks oli Saksamaal genotüpiseeritud ja genoomhinnatud 98-st erinevast farmist pärit 2049 eesti holsteini tõugu lehmikut. Iga looma kohta hinnati nende põlvnemise ja genotüübi ning EuroGenomics'i referentspopulatsiooni alusel 66 genoomaretusväärtust ja -indeksit, sh ka mitmed Eestis mittehinnatavad terviseriskide ja haiguste genoomaretusväärtused. Lisaks genotüübiinfo mitmete tunnuste kohta (näiteks nudisus, piimavalkude pärilikud tüübid jm).

Kõik hinnatud genoomaretusväärtused ja -indeksid on esitatud punktiskaalal (va aretusväärtused piima-, rasva- ja valgutoodangule ning piima rasva- ja valgusisaldusele, mis on vastavalt kilogrammides ning protsentides) libiseva baasi suhtes. Viimase moodustavad hindamisaastast 4–6 aastat varem Saksamaal sündinud lehmad – praegusel juhul Saksamaal aastatel 2014–2016 sündinud lehmad, kelle genoomaretusväärtuste ja -indeksite keskmiseks on võetud 100 ja standardhälveks 12 punkti. Seega tähendab mistahes aretusväärtuse või indeksi 100-st punktist suurem väärtus suuremat geneetilist potentsiaali võrreldes Saksamaal 4–6 aastat tagasi sündinud lemadega. Eestis hinnatud aretusväärtuste ja -indeksite libisevaks baasiks on alates 2020. aastast hindamisaastast 4–8 aastat varem Eestis sündinud lehmad. Sellest tulenevalt on libisev baas Eestis hinnatavatel traditsioonilistel aretusväärtustel ja Saksamaal hinnatud genoomaretusväärtustel erinev – ühed näitavad erinevust kodumaistest ja teised Saksamaa lemadest. Samuti kuuluvad Eestis võrdlusbaasi keskmiselt pisut varem sündinud loomad. Kokkuvõttes tuleb tõdeda, et ei ole korrektne tõmmata automaatselt võrdusmärki Saksamaal hinnatud genoomaretusväärtuste 100 punkti ja Eestimaiste traditsiooniliste aretusväärtuste 100 punkti vahele.

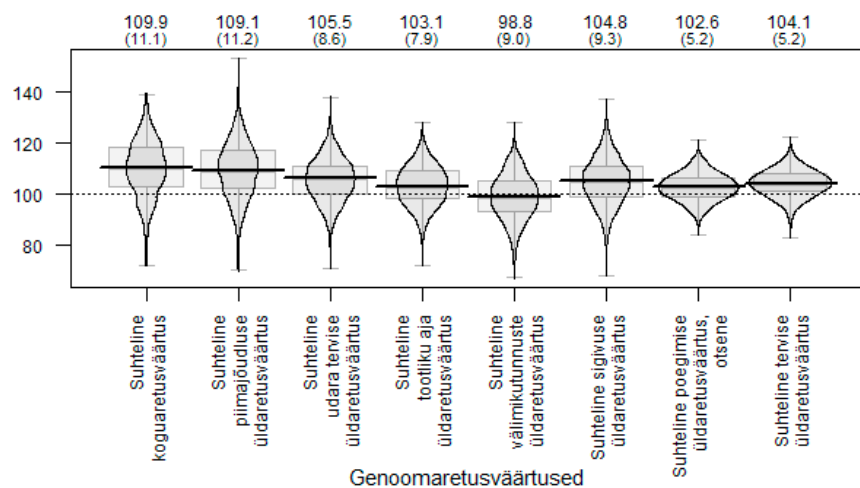
Siiski sobivad ka Saksamaal hinnatud genoomaretusväärtused otsustamiseks Eesti lehmikute geneetilise potentsiaali üle, sest genoomaretusväärtuste sisuline tähendus on ju sama, mis traditsioonilistelgi aretusväärtustel – mida kõrgem on genoomaretusväärtus, seda suurem on looma enese ja ka järglastele pärandatav geneetiline potentsiaal. Otseselt ei ole vale ka juhendumine meie traditsioonilisest 100-punkti piirist. Nimelt on lehmikutele Eestis nende vanemate alusel hinnatud põlvnemisindeksid (põhimõtteliselt vanemate keskmised suhtelised piimajõudluse aretusväärtused SPAV) suhteliselt heas kooskõlas Saksamaal hinnatud suhteliste piimajõudluse genoomaretusväärtustega (korrelatsioonikordaja  $r = 0,55$ ; joonis 1). Genoomaretusväärtuste keskmine on küll pisut madalam kui põlvnemisindeksitel, aga vaid paari punkti võrra. Samas on näha genoomaretusväärtuste märksa suurem varieeruvus ning paljude just oma põlvnemisindeksi väärtustelt keskmiste loomade nihkumine. See on seletatav eelkõige loomade geneetilisele potentsiaalile objektiivsemate hinnangute saamisega läbi geeniandmete kasutamise.



**Joonis 1.** Hinnatud lehmikute põlvnemisindeksid ja suhtelised piimajõudluse genoomaretusväärtused – igale lehmikule vastab üks hall joon, valge joon ühendab keskmisi väärtusi ( $n=2049$ ). Lehmikute põlvnemisindeksid on hinnatud Eestis nende vanemate suhteliste piimajõudluse aretusväärtuste (SPAV) alusel (baasiks, kus keskmine on 100 ja standardhälve 12 punkti, on Eestis aastatel 2012–2016 sündinud lehmad); suhtelised piimajõudluse genoomaretusväärtused on hinnatud Saksamaal EuroGenomics'i referentspopulatsiooni alusel (baasiks, kus keskmine on 100 ja standardhälve 12 punkti, on Saksamaal aastatel 2014–2016 sündinud lehmad).

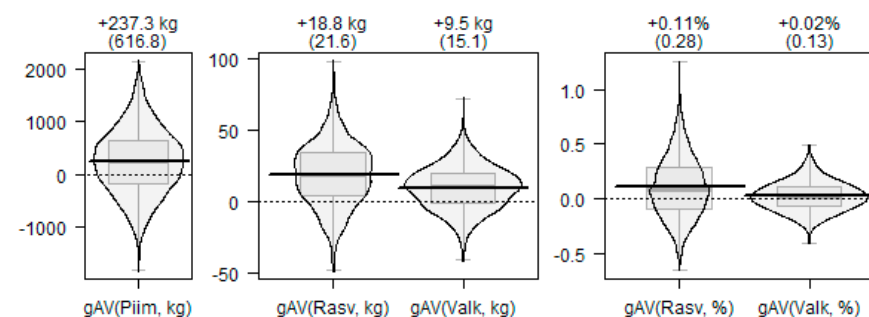
### Esmane ülevaade EHF lehmikute geneetilisest potentsiaalist ja varieeruvusest

Joonisel 2 on esitatud üldiste erinevaid tunnustegruppe summeerivate genoomaretusväärtuste jaotus analüüsitud EHF lehmikutel. Kõigi üldiste aretusindeksite korral (va välimik, aga selle puhul ongi sageli optimaalne keskmine väärtus) on Eestis aastatel 2018–2020 sündinud lehmikute keskmine geneetiline potentsiaal kõrgem kui baasgrupis (Saksamaal aastatel 2014–2016 sündinud lehmadel), mis peegeldab läbi viidud aretustöö efektiivsust ja seda mitte ainult toodangunäitajate osas. Samuti eksisteerib loomade vahel geneetiline varieeruvus kõigis tunnustegruppides – seega on, kellel vahel valida. Siiski näitab aretusväärtuste (va piimajõudluse üldaretusväärtus ja koguaretusväärtus) väiksem varieeruvus võrreldes baasgrupiga teostatud aretusvalikute piiratud ja/või populatsiooni väiksust, mis omakorda seab piirid loomade edasisele selektsioonile. Arvestades seda, et aretusmaterjal (aretuspulid, sperma) tulevad valdavalt välismaalt, on kodumaiste lehmikute ühtlane keskmisest pisut parem tase ehk isegi parem, kui suur geneetiline varieeruvus.

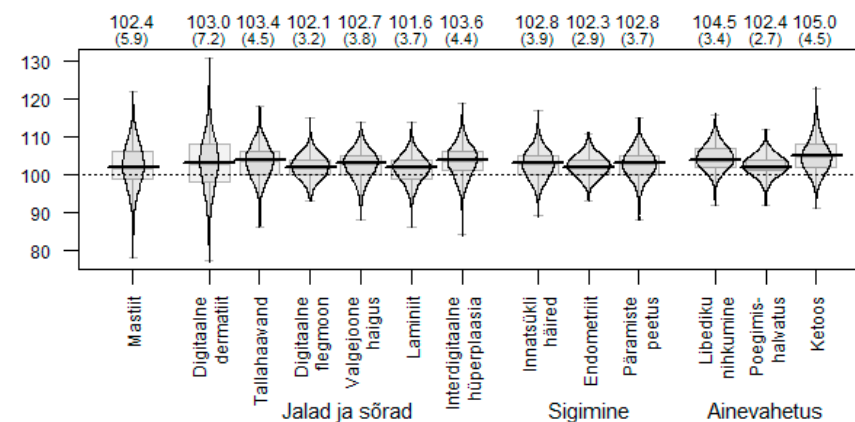


**Joonis 2.** Eesti lehmikute (n=2049) erinevaid tunnustegruppe summeerivad genoomaretusväärtused. Esitatud on aretusväärtuste jaotus, keskmise 50% aretusväärtuste paiknemine (taustal olev hall kast), mediaan (must horisontaaljoon; tänu jaotuste sümmeetrisusele langeb viimane kokku keskmisega), arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmine ja standardhälve (võrdluseks: baaslehmade keskmine ja standardhälve on kõigi aretusväärtuste puhul vastavalt 100 ja 12 punkti).

Toodangunäitajate genoomaretusväärtuste analüüsist (joonis 3) nähtub, et nii Eesti lehmikute geneetiline potentsiaal kui ka geneetiline varieeruvus on suuremad piima- ja rasvatoodangu ning väiksemad piima valgusisalduse osas. Eestis mitteregistreeritavate ja geneetiliselt mitte hinnatavate tervisenäitajate genoomaretusväärtused (joonis 4) näitavad, et baasgrupiga võrreldes on eesti holsteini tõugu lehmikute geneetiline potentsiaal parem ja eksisteerib ka selektsiooni teostamiseks vajalik varieeruvus. Siiski on viimane võrreldes Saksamaa holsteini tõugu piimaveistega suhteliselt väike.



**Joonis 3.** Eesti lehmikute (n=2049) piima-, rasva- ja valgutoodangu ning piima rasva- ja valgusisalduse genoomaretusväärtuste jaotus, keskmise 50% aretusväärtuste paiknemine (taustal olev hall kast), keskmise ja mediaan (must horisontaaljoon ja enamasti sellele taha jääv hall joon), arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmine ja standardhälve.

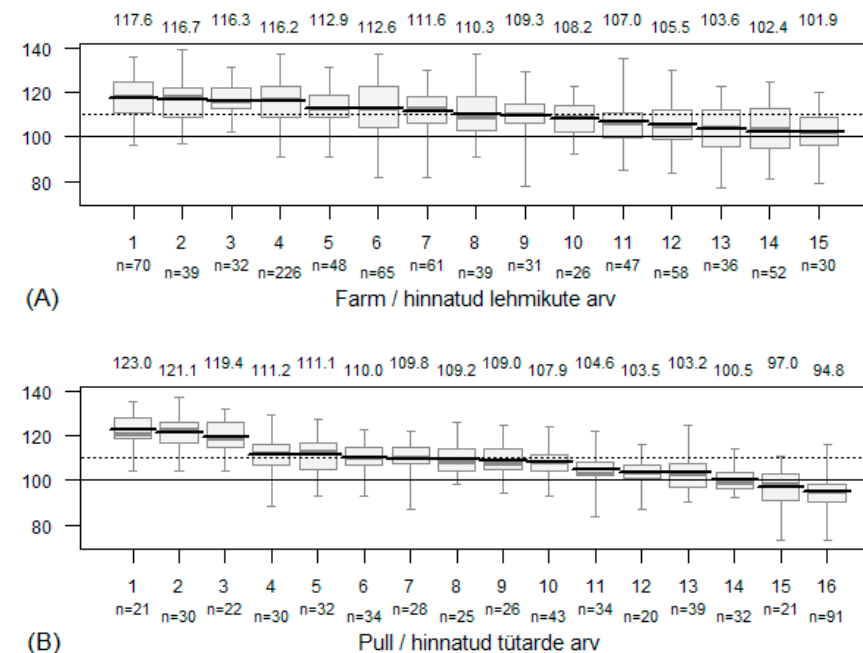


**Joonis 4.** Eesti lehmikute (n=2049) tervisetunnuste genoomaretusväärtuste jaotus, keskmise 50% aretusväärtuste paiknemine (taustal olev hall kast), keskmise ja mediaan (must horisontaaljoon ja enamasti sellele taha jääv hall joon), arvuliselt on joonise kohal välja toodud aretusväärtuste keskmine ja standardhälve.

Kahekümne viie ja enama lehmikuga esindatud farmide – 15 farmi (15,3%) kokku 860 lehmikuga (42,0%), ning 20 ja enama tütreaga pullide – 16 pulli (3,8%) kokku 528 tütreaga (25,8%), suhteliste koguaretusväärtuste analüüs näitas, et eksisteerib nii erinevatest aretusotsustest tulenev erinevus farmide vahel kui ka otseselt aretusväärtuste erinevusest tulenev erinevus pullide vahel (joonis 5). Seejuures näitas täpsem kõiki farme ja pulle hõlmanud modelleerimine, et pulli mõju hinnatud lehmikute koguaretusväärtustele on ligikaudu kümme korda suurem kui farmi mõju. See tulemus viitab, et enamus farmide vahelisest erinevusest on tingitud erinevast pullide valikust ja lehmikute emade keskmises geneetilisest potentsiaalis farmide vahel suuri vahesid ei ole.

### Kokkuvõte

Eesti holsteini tõugu lehmikute genoomaretusväärtuste esmane analüüs näitas, et võrreldes 4-6-aastaste saksa holsteini tõugu piimalehmadega on Eesti piimalehmade uus põlvkond oma geneetiliselt potentsiaalt parem mitte ainult piimajõudluse vaid ka poegimise, sigivuse, karjas püsivuse ja tervise poolest. Samuti eksisteerib nimetatud tunnuste osas geneetiline varieeruvus, mis on enamasti siiski märgatavalt väiksem geneetilisest varieeruvusest Saksa holsteini tõugu piimaveiste populatsioonis. Edasist analüüsimist vajab, kui suured on genoomaretusväärtustest tulenevad suhtelised erinevused Eesti skaalal, ja eelkõige, milline on Eesti piimalehmade geneetiline varieeruvus ning farmide ja kasutatud pullide täpsem erinevus üksiktunnuste osas.



**Joonis 5.** Eesti lehmikute suhteliste genoom-koguaretusväärtuste jaotus (A) 25 ja enama hinnatud lehmikuga farmides ning (B) 20 ja enama hinnatud tütreaga pullidel. Lisaks mediaani ja kvartiile esitavatele karp-vurrud diagrammidele on näidatud ka keskmised aretusväärtused (mustad horisontaaljooned ja arvulised väärtused joonise kohal), mille alusel on ka farmid ja pullid järjestatud; punktiirjoon märgib kõigi hinnatud lehmikute keskmist genoom-koguaretusväärtust 109,9 punkti.

Piimaklastri egiidi all kogutud andmetest ootavad käesoleva artikli kirjutamise hetkel (jaanuari lõpp 2021) põhjalikumalt analüüsimist ka 40 eesti holsteini tõugu pulli ning VikingGenetics's hinnatud eesti punast tõugu lehmikute genoomaretusväärtused. Lisades siia EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituudi tõuaretuse ja biotehnoloogia õppetooli teadusuuringu „Eesti piimaveisetõugude geneetiline struktuur ja selle dünaamika viimastel aastakümnetel“ raames genotüpiseeritavad ja analüüsitavad nii praegu karjas olevad kui ka aastakümneid tagasi elanud nii eesti holsteini ja punast tõugu kui ka eesti maatõugu veised, on lähiaastatel oodata senisest märksa sügavamaid teadmisi nii praeguste piimaveiste populatsioonide geneetilisest tasemest ja varieeruvusest kui selle kujunemisest erinevate aretusotsuste läbi viimastel aastakümnetel.

## Tänuavaldused

Uurimistööd on finantseerinud Maaeluministeerium Eesti maaelu arengukava 2014-2020 meetme 16.1 raames ja Eesti Teadusagentuur läbi personaalse uurimistoetuse rühmagrandi PRG554.

## Kasutatud kirjandus

- Kaart, T. 2011. Genoomselektsoon – kuidas ja milleks? *Tõuloomakasvatus*, 14(4):18–20.
- Meuwissen, T., Hayes, B., Goddard, M. 2016. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal Frontiers*, 6(1):6–14.

---

## Description of the Estonian national dairy herd based on genomic breeding values

Tõnu Põlluäär, Tanel Kaart, Haldja Viinalass, Hardi Tamm

*According to the project of Piimaklaster NGO in cooperation with the Animal Breeders' Association of Estonia, the Competence Centre on Health Technologies and the Estonian University of Life Sciences, the genomic breeding values of 2,049 Estonian Holstein breed heifers (ca 10% of heifers annually) were estimated inform the Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (VIT, Germany). The results confirmed the excellent breeding work of Estonian farmers and the high genetic potential of new generation of dairy cows not only for milk production but also for fertility, calving and health traits. For most of the traits genetic variability was lower compared to a base population of Holstein cows in Germany, but is still sufficient for ongoing breeding work.*

## Toitumuse automaatse hindamise süsteemi kasutamine optimaalse seemendusaja määramiseks piimafarmis

Hanno Jaakson\*, Meelis Ots, Katri Ling, Priit Karis, Merike Henno

*EMÜ veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut, söötmisteaduse õppetool*

\*hanno.jaakson@emu.ee

## Sissejuhatus

Üheks suurimaks probleemiks Eesti piimafarmides on lehmade halb tiinestuvus. Seetõttu pikeneb intervall poegimisest tiinestumiseni, samuti poegimisvahemik ning suurenevad kulud karja taastootmisele.

Halva tiinestumise üheks põhjuseks võib olla lehma seemendamine sellises füsioloogilises seisundis, nt. negatiivne energiabilanss, kus lehm ei ole selleks valmis. Negatiivse energiabilansi kaudseks markeriks on toitumus ja selle muutus. Toitumus on nahaaluse rasvkoe hulka iseloomustav näitaja, mida hinnatakse 5-pallisel skaalal 0,25-se sammuga. Toitumushinne (TH) 1 tähistab kõhna ja TH 5 rasvunud looma (Edmonson jt., 1989). Traditsiooniliselt hinnatakse toitumust visuaalselt ja palpatsiooni teel. Uudseks tehnoloogiliseks vahendiks on toitumuse automaatne hindamine ja registreerimine, mis põhineb karjahaldustarkvaraga integreeritud 3-D kaameral. Poegimisel peaks TH olema 3,25–3,50 ja see ei tohiks poegimisjärgselt väga järsult langeda (Samarütel, 2009). Hiljemalt laktatsiooni keskel peaks TH hakkama tõusma. Toitumushinde langedes kasutab lehm oma kehavarusid ja on negatiivse energiabilansi seisundis. Vastupidi, kui toitumushinne tõuseb, siis lehm taastab oma kehavarusid olles positiivses energiabilansis. Ideaalis peaks seemendusaegne toitumushinne olema mitte väiksem kui 2,75 ja näitama tõusutendentsi (või olema vähemalt stabiilne). See viitab, et taastunud on positiivne energiabilanss ja lehm on füsioloogiliselt valmis tiinestuma (Roche jt., 2009). Toitumushinde pidev jälgimine aitab seega leida õiget aega seemendamiseks – kui lehma toitumus on liiga madal või see langeb, on otstarbekas oodata seemendusega järgmise innatsüklini.



Käesolev pilootuuring viidi läbi projekti „Toitumuse automaatne hindamine ja biosensorid piimakarja haldamisel“ raames, mille üheks eesmärgiks on toitumuse automaatse hindamise süsteemi rakendamisel põhinevate soovitusete väljatöötamine optimaalse seemendusaja määramiseks. Soovituste väljatöötamisel lähtuti eesmärgist, et seemenduse edukuse prognoosimiseks kasutatav TH-e parameeter (nt väärtus, muutuse suund, ulatus ja/või kestvus jms) või parameetrite kombinatsioon oleks 1) võimalikult lihtne (st sisaldaks võimalikult vähe erinevaid parameetreid); 2) tulevikku suunatud ja 3) rakendatav üksiklehma tasemel. Sellistele kriteeriumitele vastab TH-e väärtus ja muutus teatud perioodi jooksul, mida toitumuse automaatsel hindamisel on võimalik igapäevaselt fikseerida ja retrospektiivselt taasesitada.

### Uurimistöö metoodika

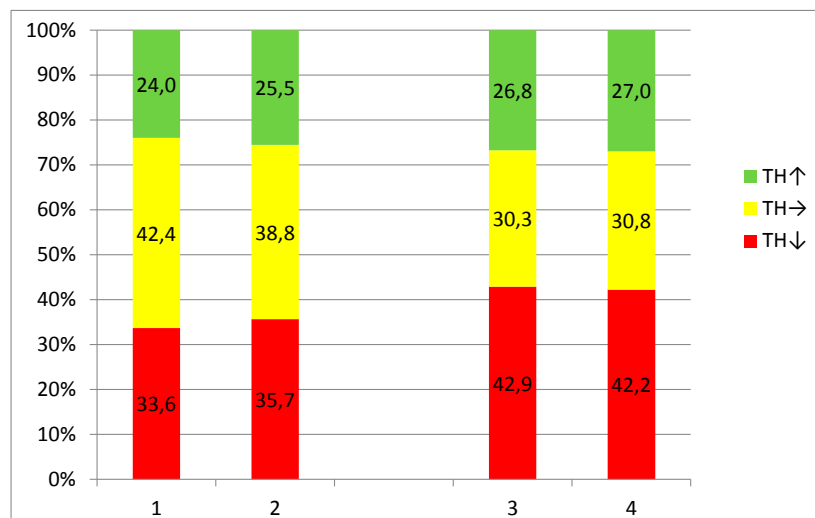
Uuring viidi läbi Kehtna Mõisa OÜ 500 lüpsilehmaga vabapidamislaudas. Neid söödeti täisratsioonilise segasöödaga neljas söötmissgrupis: kinnislemadel ja lüpsilehmadel kummalgi kaks. Lehmi lüpsiti kolm korda päevas, laktatsiooni toodang oli ligikaudu 11000 kg. Farmis oli kasutusel karja-haldustarkvara DeLaval DelPro™ Farm Manager ja DeLavali toitumuse automaatse hindamise süsteem (TAHS) (*DeLaval Body Condition Scoring*), mis koosneb DeLavali lüpsiplatsile paigaldatud 3-D kaamerast ja DelPro-ga integreeritud tarkvarast. Uuringus kasutati TAHS poolt registreeritud TH-d. TH-e ja selle muutuse hindamiseks eduka seemendusaja prognoosimisel koostati andmebaas, kuhu kanti lehmade seemendused ja seemendusajad ning märges, kas seemendus oli edukas või mitte, samuti seemendusaegne TH ja selle muutus seemenduseelsel perioodil: 1) kahe nädala jooksul ja 2) nelja nädala jooksul (ligi 1300 kirjet: 1. laktatsioon – 600, korduvpoeginud – 700). TH-e ja tiinestumise vaheliste seoste leidmiseks jagati andmebaasi kirjed seemenduse edukuse alusel kahte rühma: 1) mittetiinestav seemendus; 2) tiinestav seemendus. Andmete analüüs teostati andmebaasi kõikide kirjete ulatuses (sõltumata, mitmenda laktatsiooni või seemenduskorraga oli tegemist). Leiti TH-e ja selle muutust iseloomustavate näitajate keskmised, lehmade jaotus TH-e muutuse suuna alusel ja muutuse suuna ja ulatuse seos seemenduse edukusega.

### Tulemused

Keskmine TH ja selle muutust iseloomustavad näitajad mittetiinestava ja tiinestava seemenduse korral on toodud tabelis 1. Keskmine TH poegimisel ja seemendusel, samuti TH-e langus poegimisest seemenduseni mittetiinestava ja tiinestava seemenduse korral praktiliselt ei erinenud. Samuti ei erinenud mittetiinestava ja tiinestava seemenduse korral TH-e langus kahe ja nelja seemendusele eelneva nädala jooksul. Ei erinenud ka mittetiinestava ja tiinestaval seemenduse korral lehmade jaotus gruppidesse, kellel TH vastavalt langes, jäi samaks või tõusis (joonis 1). Nii mittetiinestaval kui tiinestaval seemendusel oli kõige suurem TH-t langetavate lehmade ja kõige väiksem TH-t tõstvate lehmade osakaal ja seda nii TH-e kahe kui neljanädalase seemenduseelse muutuse alusel grupeerituna (joonis 1). Seemenduse edukus ei sõltunud ka TH-e muutuse ulatusest. Nii TH-e languse kui tõusu 0,1, 0,2 ja 0,3 palli korral oli mittetiinestavate ja tiinestavate seemenduste omavaheline proportsioon suhteliselt sarnane, nii kahe- kui neljanädalase seemenduseelse TH-e muutuse põhjal (joonis 2).

**Tabel 1.** Keskmine TH poegimisel ja seemendusel ning TH muutust iseloomustavad näitajad mittetiinestava ja tiinestava seemenduse korral.

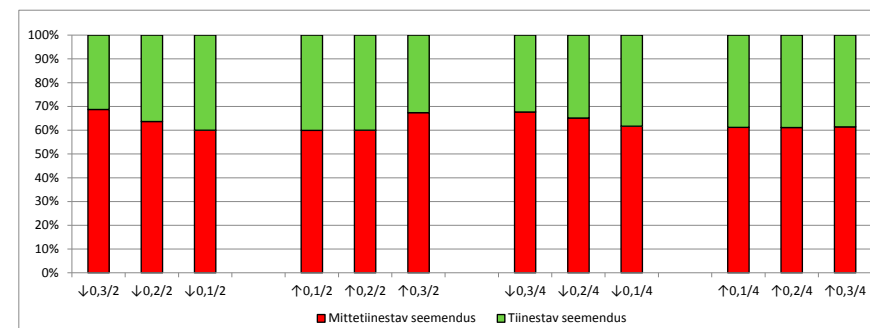
Seemenduse edukus	TH poegimisel	TH seemendusel	TH langus poegimisest seemenduseni	TH muutus 2 näd enne seemendust	TH muutus 4 näd enne seemendust
Mittetiinestav seemendus	3,48	3,03	–0,41	–0,01	–0,04
Tiinestav seemendus	3,49	3,07	–0,39	–0,01	–0,03



**Joonis 1.** Lehmade jaotus seemenduseelse toitumushinde (TH) muutuse (TH↓ - TH langes, TH→ - TH ei muutunud, TH↑ - TH tõusis) alusel mittetiinestava (1, 3) ja tiinestava (2, 4) seemenduse korral. 1 - mittetiinestav seemendus, TH muutus 2-l seemenduseelsel nädalal; 2 - tiinestav seemendus, TH muutus 2-l seemenduseelsel nädalal; 3 - mittetiinestav seemendus, TH muutus 4-l seemenduseelsel nädalal; 4 - tiinestav seemendus, TH muutus 4-l seemenduseelsel nädalal.

### Kokkuvõte

Käesolev pilootuuring näitas, et TH ja selle muutuse suund ning ulatus üksinda ei pruugi olla seemenduse edukuse prognoosimiseks piisav, kuna tiinestumine sõltub lisaks TH-le (energiabilansile) ka muudest faktoritest, nagu nt. emakapõletike vm. haiguste esinemisest seemenduse ajal jpm. Andmebaasi täienedes on kavas analüüsida, kuidas on TH ja seemenduse edukus seotud 1. laktatsiooni ja korduvpoeginud lehmadel ning seemenduskordade lõikes.



**Joonis 2.** Seemenduse edukuse sõltuvus toitumushinde (TH) muutuse suunast ja ulatusest. X-telje legend: ↓0,3/2, ↓0,2/2, ↓0,1/2 – TH langus 0,3, 0,2 ja 0,1 palli kahe seemenduseelse nädala jooksul; ↑0,1/2, ↑0,2/2, ↑0,3/2 – TH tõus 0,1, 0,2 ja 0,3 palli kahe seemenduseelse nädala jooksul; ↓0,3/4, ↓0,2/4, ↓0,1/4 – TH langus 0,3, 0,2 ja 0,1 palli nelja seemenduseelse nädala jooksul; ↑0,1/4, ↑0,2/4, ↑0,3/4 – TH tõus 0,1, 0,2 ja 0,3 palli nelja seemenduseelse nädala jooksul.

### Tänuavaldused

Käesolev uuring on läbi viidud projekti „Toitumuse automaatne hindamine ja biosensorid piimakarja haldamisel“ (616218790070, L180016VLST; 2018-2022; siseriiklik leping Kehtna Mõisa OÜ-ga, PRIA MAK meede 16.2) raames.

### Kasutatud kirjandus

- Edmonson, A.J., Lean, I.J., Weaver, L.D., Farver, T., Webster, G. 1989. A body condition scoring chart for Holstein dairy cows. *J. Dairy Sci.* 72:68–78.
- Roche, J.R., Friggens, N.C., Kay, J.K., Fisher, M.W., Stafford, K.J., Berry, D.P. 2009. Invited review: Body condition score and its association with dairy cow productivity, health, and welfare. *J. Dairy Sci.* 92:5769–5801.
- Samarütel, J. 2009. Relationships between energy balance estimates, luteal activity and fertility in Estonian Holstein cows. Doktoriväitekiri, Eesti Maaülikool, Tartu. 111 lk.

### *Automated Body Condition Scoring as a Tool for Prognosis of Insemination Success on Dairy Farms*

Hanno Jaakson, Meelis Ots, Katri Ling, Priit Karis, Merike Henno

*The aim of this pilot study was to assess the possibilities of using automatic body condition scoring (BCS) to predict optimal insemination time for dairy cows at the farm level. As there were no differences in BCS characteristics (neither BCS during the insemination nor BCS loss before insemination) between the cows with either successful or unsuccessful subsequent insemination, BCS alone is not considered to be an effective trait to predict the success of insemination.*

## **Eesti hobusetõugude geneetiline mitmekesisus ja sugulus teiste tõugudega**

Erkki Sild

EMÜ VLI tõuaretuse ja biotehnoloogia õppetool

erkki.sild@emu.ee

### **Sissejuhatus**

Hobuste kasutuse esialgne raskuskese on sõjapidamiselt, transpordi-, põllu- ja metsatöödelt nihkunud nüüdseks spordis kasutamise ja vaba aja veetmise suunda. Hobuse kasvatamise eesmärgimuutust on märgata ilmekalt tori tõugu hobuse puhul, kus algne universaalne hobuse tüüp on jäämas tagaplaanile, kuna enam soovitakse paremate kiirus- ja hüppeomadustega spordis kasutamiseks sobivaid hobuseid. Eesti tõugu hobuste puhul otsitakse hobuturismi jaoks rahuliku iseloomuga hobuseid, mistõttu on muutumises ka populatsiooni geneetiline struktuur.

Vajadus hobuste järele on viimase 70 aastaga oluliselt vähenenud ning nende kasutus otstarve on hobustel oluliselt muutunud. Üleüldine tõuaretuslik suund liigub kommertsiaalselt kasulike tõugude eelistamisele – pannakse rõhku üksikutele tõugudele, kellel on head jõudlusnäitajad. Selline lähene mine viib vähem produktiivsete kohalike tõugude genofondi kadumiseni. Sellest tulenevalt on vajalik läbi viia regulaarselt koduloomade geneetilise seire uuringuid, et kindlaks teha kõigi, eeskätt kohalike, tõugude geneetilist olukorda.

Hobuste tõuraamatute loomisest Eestis on möödas ligi sada aastat. Kui palju on tõud selle ajaga muutunud, saab hinnata fenotüübi ja jõudlusnäitajate alusel, kuid tõugude struktuuri hindamisel on heaks abivahendiks ka geneetilised markerid. Hobuste geneetilisi uuringuid hakati tegema 1960. aastatel, kuid markerite valik ja kasutatavad meetodid on tehnoloogiliselt kiires arengus, mistõttu teadmised tõugudevahelisest ja -sisese geneetilisest varieeruvusest täpsustuvad pidevalt.

Uuringu eesmärgiks on selgitada Eesti hobusetõugude geneetiline mitmekesisus ja seotus teiste hobusetõugudega nii Eestis kasvatavatega kui ka teiste riikide hobusetõugudega.

## Uurimistöö metoodika

544 hobust 17 tõust (tabel 1) genotüpiseeriti 16 somaatilise mikrosatelliidi (STR) markeri (AHT4, AHT5, ASB17, ASB2, ASB23, CA425, HMS1, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7, HTG10, HTG4, HTG6, HTG7, VHL20) suhtes.

**Tabel 1.** Tõusisene mitmekesisus (Sild jt., 2019a).

Tõug	AR	AP	H <sub>OBS</sub>	H <sub>EXP</sub>	N	Lühend
Ahhal-tekiin	4.96	0	0.735	0.676	25	Akha
Araabia täisvereline hobune	4.91	1	0.647	0.645	28	Arab
Norra külmavereline traavel	5.04	0	0.676	0.650	40	Nord
Døle	<b>4.28</b>	0	<b>0.569</b>	<b>0.565</b>	39	Døle
Eesti raskevehobune	5.48	1	0.718	0.679	33	EstH
Eesti hobune	6.40	2	0.741	0.718	35	EstN
Soome hobune	6.44	1	0.713	0.722	34	Finn
Fjordi hobune	5.42	0	0.709	0.692	38	Fjor
Hannover	5.60	0	0.759	0.702	20	Hano
Läti hobune	6.45	0	0.720	0.740	23	Latv
Mezen	6.07	2	0.737	0.719	28	Meze
Mongoolia hobune	<b>6.93</b>	3	<b>0.779</b>	0.748	39	Mong
Nordland	4.65	0	0.642	0.645	34	Nord
Traavel	5.66	1	0.734	0.706	31	Stab
Tori	6.54	3	0.752	<b>0.749</b>	38	Tori
Trakeen	5.22	0	0.697	0.700	31	Trak
Jakuudi hobune	6.39	2	0.750	0.725	28	Yaku

Alleelide rikkus (AR), unikaalsed alleelid (AP), vaadeldud ( $H_{OBS}$ ) ja oodatud ( $H_{EXP}$ ) heterosügootsus, (N) loomade arv.

mtDNA-st genotüpiseeriti 9 tõust 259 hobust (tabel 2) D-lingu osast 509 aluspaari pikkune DNA fragment ja Y-kromosoomist 5 mikrosatelliiti (YM2, YH12, YE1, YA16, YJ10) uuringus olnud täkkudel (tabel 2).

**Tabel 2.** mtDNA mitmekesisuse näitajad (Sild jt., 2019b).

tõug	N	N ♂	n <sub>H</sub>	n <sub>unique</sub>	h	π	Tajima's D	lühend
altai hobune	11	9	7	3	0.909	0.017	0.03	Alta
araabia täisvereline hobune	29	19	9	1	0.882	0.016	0.64	Arab
eesti raskeveo hobune	30	12	13	3	0.871	0.011	-0.66	EstH
eesti hobune	40	31	19	6	0.947	0.016	0.43	EstN
soome hobune	37	17	18	6	0.926	0.016	-0.04	Finn
läti hobune	22	7	17	8	0.978	0.018	0.15	Latv
tori	40	27	25	8	0.969	0.015	-0.08	Tori
trakeen	23	17	16	5	0.964	0.016	0.24	Trak
jakuuti hobune	27	13	11	6	0.789	0.012	-0.13	Yaku

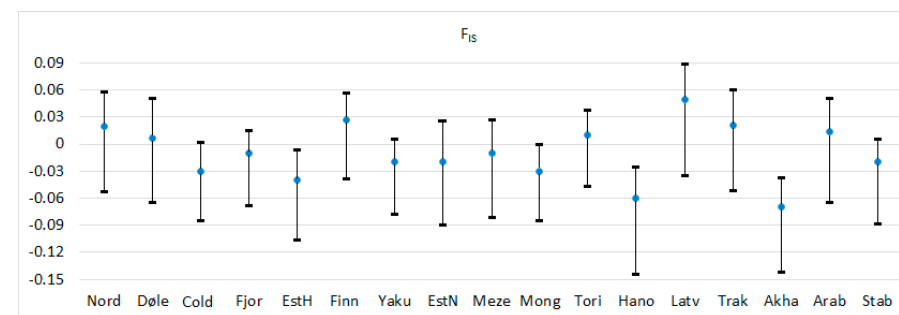
N – loomade arv, N ♂ – täkkude arv n<sub>H</sub> – haplotüüpide arv, n<sub>unique</sub> – unikaalsete haplotüüpide arv, h – haplotüüpide diversiteet, π – nukleotiidide diversiteet.

Tõugudevahelise seotuse analüüsiks kasutasime segunemise (admixture) analüüsi, mille teostasime programmiga Structure 2.3.4 (Pritchard jt., 2000), fikseerumisindeksit FST, Nei DA ja Reynoldsi geneetilised distantid arvutati GenAlEx v6.501 (Peakall ja Smouse, 2012) programmi abil. Splitstree 4.0 programmi (Huson ja Bryant, 2006) kasutasime Nei DA geneetilise distantipõhise tõugude võrgu konstrueerimiseks. Programmi Genetix v4.05 (Belkhir jt., 2001) kasutati geneetilise inbriidingu indeksi FIS kalkuleerimiseks ja GenAlEx v6.501 programmi kasutati lisaks ka alleelirikkuse, unikaalsete alleelide ja heterosügootsuste arvutamiseks.

DnaSP v5.1 (Librado ja Rozas, 2009) programmi kasutati mtDNA haplotüüpide diversiteedi, nukleotiidide diversiteedi ja Tajima's D arvutamiseks. Haplotüüpide tuvastamiseks kasutasime programmi GenAlEx v6.501.

## Tulemused ja arutelu

Kasutades FAO kriteeriumeid (FAO, 2013) on kõik kolm Eesti kohalikku hobusetõugu ohustatud tõu staatuses. Viimastel andmetel on eesti raskeveo tõugu hobuseid 424, tori tõugu hobuseid 1179 ja eesti tõugu hobuseid 2584 (PRIA, 2021). Vaatamata tõu väiksusele on eesti raskevehobusetõu geneetiline inbriidingu näitaja negatiivne, mis viitab hilisele tõu „parandusele“ ning ainult tori tõul on see kergelt positiivne (joonis 1).

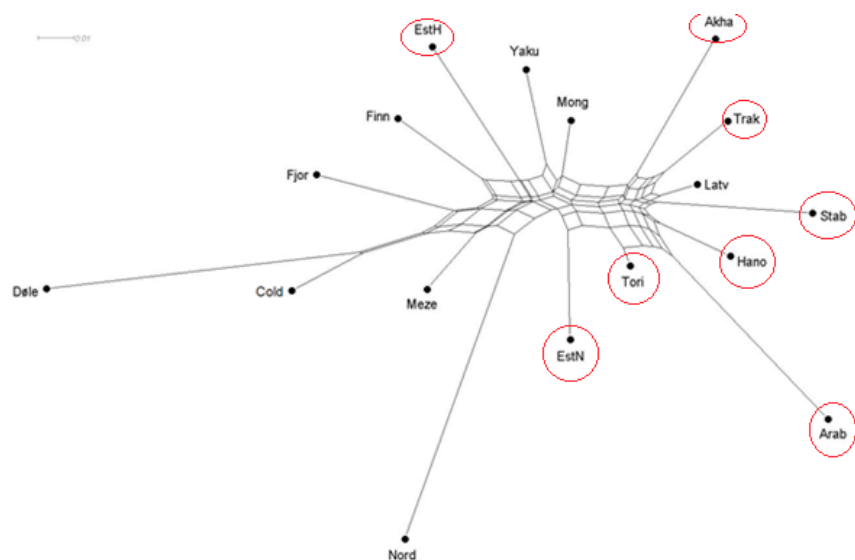


**Joonis 1.**  $F_{IS}$  väärtused koos 95% usaldus piiridega, mis on saadud 1000 bootstrappingu simulatsiooniga (Sild jt., 2019a).

Eesti raskevehobusetõu väike populatsiooni suurus tuleb välja unikaalsete parameetrite põhjal nii somaatilistes rakkudes kui mtDNA-s: unikaalseid STR allelele on üks (eesti tõugu hobustel kaks ja tori tõugu hobustel kolm) ja unikaalseid mtDNA haplotüüpe kolm (eesti tõugu hobustel kuus ja tori tõugu hobustel kaheksa). Eeldades, et hetkel ristatakse kõige rohkem tori tõugu hobuseid teist tõugu hobustega, siis peaks see kajastuma tema mitmekesisuses. Alleelirikkuse (tabel 1), haplotüüpide (tabel 2) ning heterosü-

gootsuse kõrged näitajad seda ka tõestavad, vastavad näitajad on kõrgemad nii eesti raskeveotõugu kui eesti tõugu hobustest.

DNA STR-i alusel 17 tõu seas läbi viidud uuring näitas, et tori hobusetõug on geneetiliselt sama lähedal nii eesti hobusetõule (kellega on ühised eellased tõu loomise perioodist) kui Kesk-Euroopa kiirushobusetõugudele nagu hannover, trakeen ja araabia täisvereline hobusetõug, mida iseloomustavad nii fikstsiooni indeks kui ka geneetiline distant (joonis 2, tabel 3). FST, Reynoldsi distant ja Nei võrgustik näitavad ilmekalt tori tõugu hobuste „paranduse“ ajalugu, kus on teada, et tõugu on ristatud hannoveri, trakeeni, holsteini ja inglise täisverelise hobusetõuga.



**Joonis 2.** Hobusetõugude geneetiline võrgustik (Nei  $D_A$  distant alusel). Punase ringiga on lisaks Eesti kohalikele tõugudele märgitud ka Eestis kasvatatavad teised hobusetõud (Sild jt., 2019a).

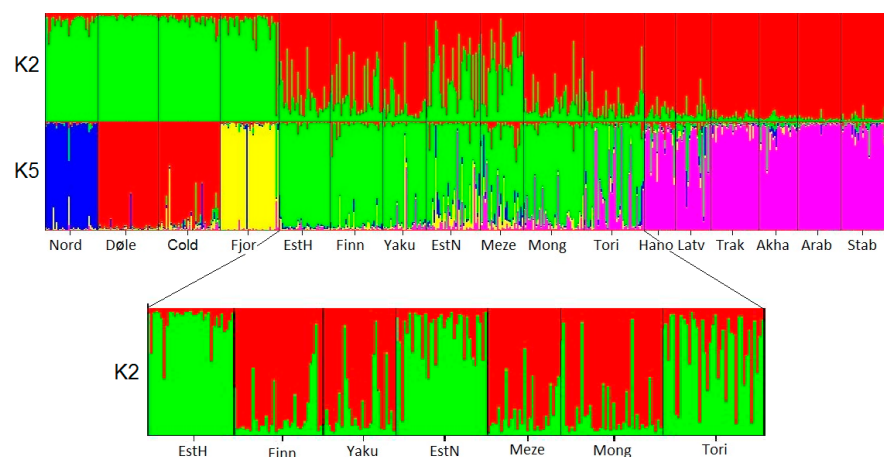
**Tabel 3.** Tõugude sugulus Reynoldsi geneetilise distant ja paariviisilise  $F_{ST}$  väärtuste alusel.

Tõug	Nord	Døle	Cold	Fjor	EstH	Finn	Yaku	EstN	Meze	Mong	Tori	Hano	Latv	Trak	Akha	Arab	Stab
Nord	0	0.134	0.090	0.086	0.089	0.089	0.084	0.065	0.072	0.074	0.071	0.086	0.070	0.089	0.086	0.127	0.100
Døle	0.213	0	0.063	0.079	0.117	0.081	0.110	0.105	0.079	0.091	0.111	0.104	0.111	0.126	0.139	<b>0.157</b>	0.147
Cold	0.155	0.111	0	0.055	0.077	0.060	0.073	0.061	0.052	0.059	0.071	0.081	0.077	0.095	0.107	0.113	0.107
Fjor	0.159	0.156	0.093	0	0.067	0.044	0.053	0.042	0.040	0.045	0.057	0.064	0.055	0.065	0.078	0.098	0.090
EstH	0.152	0.197	0.114	0.112	0	0.045	0.052	0.052	0.058	0.052	0.047	0.078	0.053	0.089	0.084	0.098	0.090
Finn	0.160	0.155	0.099	0.095	0.087	0	0.036	0.042	0.041	0.034	0.043	0.059	0.050	0.069	0.071	0.088	0.077
Yaku	0.158	0.189	0.123	0.102	0.085	0.069	0	0.033	0.043	0.026	0.030	0.048	0.033	0.050	0.048	0.072	0.073
EstN	0.144	0.193	0.113	0.091	0.100	0.081	0.074	0	0.046	0.033	0.031	0.048	0.033	0.054	0.048	0.069	0.068
Meze	0.135	0.135	0.083	0.087	0.093	0.080	0.083	0.100	0	0.026	0.043	0.060	0.046	0.049	0.069	0.080	0.072
Mong	0.142	0.171	0.093	0.089	0.084	0.068	0.055	0.068	0.054	0	0.024	0.043	0.030	0.038	0.048	0.069	0.052
Tori	0.138	0.187	0.108	0.108	0.082	0.079	0.062	0.057	0.078	0.054	0	0.032	<b>0.022</b>	0.038	0.045	0.053	0.055
Hano	0.152	0.178	0.129	0.120	0.125	0.107	0.091	0.082	0.107	0.077	0.059	0	0.024	0.034	0.053	0.061	0.045
Latv	0.138	0.189	0.127	0.111	0.088	0.102	0.080	0.081	0.083	0.065	<b>0.042</b>	0.049	0	0.027	0.037	0.045	0.037
Trak	0.157	0.202	0.143	0.123	0.128	0.122	0.089	0.105	0.077	0.064	0.063	0.070	0.044	0	0.040	0.059	0.048
Akha	0.161	0.227	0.169	0.143	0.127	0.115	0.090	0.098	0.125	0.092	0.075	0.094	0.079	0.076	0	0.068	0.064
Arab	0.230	<b>0.244</b>	0.172	0.175	0.159	0.159	0.135	0.124	0.151	0.136	0.083	0.098	0.092	0.119	0.130	0	0.073
Stab	0.168	0.227	0.152	0.147	0.119	0.128	0.119	0.118	0.115	0.080	0.084	0.076	0.061	0.079	0.102	0.131	0

Allpool diagonaali on Reynoldsi geneetiline distant ja diagonaali peal on  $F_{ST}$  (Sild jt., 2019a).



Eesti hobuse kuulumist Põhjala metsahobuste hulka saab kirjeldada eesti tõugu hobuste grupeerumisega soome ja mezeni tõugu hobustega ning jakuudi ja mongoolia tõugu hobustega, kes on pärit Uuralite tagant (joonis 2 ja 3). Põhja-Euroopa ja Kesk-Siberi tõugude seotust on lisaks Sild jt. (2019a) uuringule näidanud ka SNP-de analüüs Petersen jt. (2013) poolt. Kas see seos on juhuslik või jäänuk rahvaste rändude ajast, on keeruline kindlaks teha.



**Joonis 3.** Hobuste geneetiline struktuur klasteranalüüsi põhjal. Esitatud on hobuste jaotus kaheks (K2) ja viieks (K5) klastriks. Lisaks on esitatud Eesti ja Eesti tõugudega grupeerunud tõugude K2 klasteranalüüs. Iga vertikaalne tulp tähistab üht hobust ja tulba erinevalt värvunud osa näitab tema genotüübipõhist ühte või mõnda teise klastrisse kuulumise tõenäosust (Sild jt., 2019a).

Uurides tõuge mitokondri DNA lõigu järjestuse ja Y-kromosoomi mikrosatelliitide põhjal, selgus Eesti hobusetõugude emaliinide mitmekesisus, kuid Y-kromosoomi uuritud markerid näitasid Eesti hobusetõugude isaliinides mitmekesisuse puudumist, mis on üldises kooskõlas teooriaga, et kodustamise ajal kodustati väga vähe takke võrreldes märadega (Lindgren jt., 2004; Wallner jt., 2004; Brandariz-Fontes jt., 2013; Kreutzmann jt., 2014). Tori ja trakeeni tõugu hobused olid uuritud tõugudest suurima emaliinide arvuga, kusjuures kõige rohkem erinevaid haplotüüpe ja unikaalseid haplotüüpe leiti tori tõugu hobustel (tabel 2). Vaatamata sellele, et eesti tõugu hobuste arvukus on Eestis suurim võrreldes teiste kohalike tõugudega, ning fakt, et eesti hobusetõug on panustanud suures osas nii tori tõugu kui eesti raskeveo-

tõugu hobuste loomisele, siis kõige kõrgemat mitmekesisust neil emaliinidel ei tuvastatud, vaid selleks oli tori tõugu hobused. Arvatavasti on emaliinide rikkus kandunud eesti tõugu hobuselt üle tori tõugu hobusele, haplotüüpide mitmekesisus (tabel 2) ja haplogruppide arv (tabel 4) on tori tõugu hobustel kõrgem kui eesti ja eesti raskeveo tõugu hobustel. Lisaks näitab Tajima's D test (tabel 2), et märade valikut tehes ei ole Eesti kohalikku tõugu hobused läbinud suunavat valikut.

**Tabel 4.** Cieslak jt. (2010) nomenklatuuri järgi haplogruppide jaotus (Sild jt., 2019b).

Haplogrupp	Alta	Arab	EstN	Latv	EstH	Finn	Tori	Trak	Yaku	kokku
A	1		2		3		5	1	2	14
B1	2	1	3	1	1	1	5	1		15
D2	1	1	1		1			2		6
D2e							1	3		4
D3	1	6	5	4	8	7	6	2	12	51
E				1		2			1	4
F			3	3	9	1	1	1		18
Gx4					1	1			4	6
I		4		1			2	1	3	11
I1			4				3		4	11
K							1			1
K2			1	2		2	1	1		7
K2b	1	6						3		10
K3	3	6	1	2	1	4	1	3		21
K3a								1		1
X2	2		5	3	1	12	2	1	1	37
X2b		4	7	2		4	5	4		26
X3			1				3			4
X3c			1							1
X3c1		1	6	3	5	1	5	1		22
kokku	7	8	13	10	9	10	14	14	7	

### Kokkuvõte ja järeldused

Viimase saja aastaga on muutunud hobuste otstarve. Tori tõu „universaaltüüp“, mis sobis sõjapidamiseks ja põllutööks peab nüüd hakkama saama „spordiga“. Eesti hobune on tänapäeval töötgemise asemel pigem vaba aja veetmise loom. Valikukriteeriumite muutmine on muutnud tori tõugu hobust geneetiliselt ja fenotüübiliselt. Tori tõugu hobune on geneetiliselt sar-

nane teiste Eesti kohalike hobusetõugudega (eesti raskeveo hobune ja eesti hobune) ja ka Kesk-Euroopa soojavereliste „kiirus“ hobuste tõugudega. mtDNA uuring näitas kõrget mitmekesisust Eesti hobusetõugude emaliinides, samal ajal aga Y-kromsoom (isaliinid) näitas olematut mitmekesisust, mis on kooskõlas teiste uuringutega, et kodustamisest võttis osa vähe tükke. Vastavalt sellele uuringule on tori tõug geneetiliselt mitmekesine ja tuleks püüda tema geneetiliselt rikkust säilitada.

Edaspidises uurimistöös on oluline kasutada suuremat arvu markereid, kasutades tihedaid SNP kiipe, kus on üle poole miljoni markeri. „Vanema liinide“ uuringuks tuleks täielikult genotüpiseerida nii Y-kromosoom kui mtDNA.

### Tänu sõnad

Uurimistöö viidi läbi Eesti Haridus- ja Teadusministeeriumi projekti IUT8-2 rahalisel toel.

### Kasutatud kirjandus

Kasutatud kirjandus

Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F. 2001. GENETIX 4.04, Logiciel sous Windows TM pour la Genetique des Populations. Laboratoire Genome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Universite de Montpellier II, Montpellier.

Brandariz-Fontes, C., Leonard, J. A., Vega-Pla, J.L., Backström, N., Lindgren, G., Lippold, S., Rico, C. 2013. Y-chromosome analysis in Retuert horses. PLoS One. 31;8(5), e64985.

Cieslak, M., Pruvost, M., Benecke, N., Hofreiter, M., Morales, A., Reissmann, M., Ludwig, A. 2010 Origin and History of Mitochondrial DNA Lineages in Domestic Horses. PLoS One. 5, e15311.

FAO. 2013. In vivo conservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 14. Rome.

Huson, D.H., Bryant, D. 2006. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. Mol. Biol. Evol. 23:254–267.

Kreutzmann, N., Brem, G., Wallner, B. 2014. The domestic horse harbours Y-chromosomal microsatellite polymorphism only on two widely distributed male lineages. Anim. Genet. 45(3):460.

Lindgren, G., Backström, N., Swinburne, J., Hellborg, L., Einarsson, A., Sandberg, K., Cothran, G., Vilà, C., Binns, M., Ellegren, H. 2004. Limited number of patriline in horse domestication. Nat. Genet. 36:335–336.

Peakall, R., Smouse, P.E. 2012. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research - an update. Bioinformatics. 28:2537–2539.

Petersen, J.L., Mickelson, J.R., Cothran, E.G., Andersson, L.S., Axelsson, J., Bailey, E., Bannasch, D., Binns, M.M., Borges, A.S., Brama, P., da Camara Machado, A., Distl O., Felicetti, M., Fox-Clipsham, L., Graves, K.T., Guerin, G., Haase, B., Hasegawa, T., Hemmann, K., Hill, E.W., Leeb, T., Lindgren, G., Lohi, H., Lopes, M.S., McGivney, B.A., Mikko, S., Orr, N., Penedo, M.C., Piercy, R.J., Raekallio, M., Rieder, S., Roed, K.H., Silvestrelli, M., Swinburne, J., Tozaki, T., Vaudin, M., Wade, M., McCue, M.E. 2013. Genetic Diversity in the Modern Horse Illustrated from Genome-Wide SNP Data. PLoS ONE 8, e54997.

PRIA. 2021. Põllumajandus Registrite ja Informatsiooni Amet. Hobuslaste andmebaas <https://ariel.pria.ee/hobu/%20> (25. veebruar 2021).

Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics. 155:945–959.

Sild, E., Rooni, K., Värvi, S., Røed, K., Popov, R., Kantanen, J., Viinalass, H. 2019a. Genetic diversity of Estonian horse breeds and their genetic affinity to northern European and some Asian breeds. Livest. Sci. 220:57–66.

Sild, E., Värvi, S., Kaart, T., Kantanen, J., Popov, R., Viinalass, H. 2019b. Maternal and paternal genetic variation in Estonian local horse breeds in the context of geographically adjacent and distant Eurasian breeds. Anim. Genet. 50(6):757–760.

Wallner, B., Piumi, F., Brem, G., Müller, M., Achmann, R. 2004. Isolation of Y Chromosome-specific Microsatellites in the Horse and Cross-species Amplification in the Genus Equus. J. Hered. 95:158–164.

### ***Estonian Horse breeds genetic diversity and relationship with other breeds.***

*Erkki Sild*

*Aim of the study is to assess Estonian horse breeds genetic diversity and relationship with other breeds. In the course of a century, Estonian local horses have changed due to different needs. The breeding directions for the Tori breed have changed from universal type suitable for agriculture and military towards the current type more suitable for sport. For the Estonian Native horse, the emphasis nowadays is more on being a leisure animal rather than a working horse. Different selection criteria have changed horses phenotypically and genetically. Today, the Tori breed is genetically similar to other Estonian local breeds (the Estonian Native and the Estonian Heavy Draught) and also to Central European “speed” horses, such as the Hanoverian, the Trakehner and the Arabian. Using mtDNA, the study showed genetic richness in the maternal lines of the Estonian horse breeds. At the same time, the study revealed low or nearly non-existent diversity in the Y-chromosome (paternal line), which is in concordance with the knowledge obtained from overall studies, that only few sires were used during the process of domestication. According to the results of the current study, the Tori breed is genetically diverse and is therefore recommended to be preserved as a whole.*

## **Table of contents**

### **HEALTHY FOOD**

Foodborne outbreaks, their causes and prevention

*Mati Roasto, Katrin Laikoja, Mihkel Mäesaar*

The use of molecular methods in bacterial pathogen detection in the food production chain and at the food processing plant

*Mihkel Mäesaar, Mati Roasto*

New initiatives in the field of food labelling

*Anneli Tuvike*

Vegetarian diet – risks and tips

*Marit Priinits*

The leadership of oat drinks in the market of plant-based beverages

*Monica Nabil Gayed Ibrahim, Ivi Jõudu*

*Listeria monocytogenes* in meat products

*Julia Koskar, Mati Roasto, Kadrin Meremäe*

*Campylobacter* spp. in the meat production chain

*Triin Tedersoo, Mati Roasto, Jelena Sögel, Kadrin Meremäe*

Use of plant-based bioactive components to increase the durability and healthiness of meat and fish products (ResTA project TAIMLOOMTOIT)

*Reelika Rätsep, Tõnu Püssa, Mati Roasto*

Solubility of plant-based proteins in development of fermented dairy alternatives

*Natalja Part, Tiina Kriščiunaite, Maret Viirma, Helen Vaikma, Mary-Liis Kütt*

Microbiological and chemical quality parameters of sprouted grains

*Anna Traksmäa, Ksenia Šestopalova, Aili Kallastu, Marina Junusova, Julia Rosend, Raivo Vilu*

Polyphenols in apple

*Dea Anton, Linda Rusalepp, Reelika Rätsep, Hedi Kaldmäe, Uko Bleive, Mati Roasto, Tõnu Püssa*

## HEALTHY ANIMAL

Herd prevalence of endemic infectious diseases and association with herd culling rates and longevity in large Estonian dairy herds

*Triin Rilanto, Dagni-Alice Viidu, Toomas Orro, Arvo Viltrop, Kerli Mõtus*

Implementation of biosecurity measures and their association with herd status of infectious diseases on dairy cattle farms in Estonia

*Kerli Mõtus, Tuula Sihvonen, Dagni-Alice Viidu, Triin Rilanto, Arvo Viltrop*

Motivating factors for calfkeepers and associations with neonatal calf mortality on dairy farms

*Dagni-Alice Viidu, Triin Rilanto, Toomas Orro, Arvo Viltrop, Tanel Kaart, Kerli Mõtus*

The African Swine Fever Situation in Europe and Estonia 2018-2020

*Arvo Viltrop*

Tabanids (Diptera: Tabanidae) as potential African swine fever vectors in the Estonian wild boar population

*Reet Herm, Lea Tummeleht, Arvo Viltrop*

Effect of self-prepared dry feed on growth dynamics of weaning pigs

*Varpo Vare*

Farmers' acceptance of control measures against African Swine Fever. A participatory study in Estonia

*Lidiia Moskalenko, Arvo Viltrop, Kerli Mõtus*

Pan-European beef network BovINE

*Airi Külvet*

Producer organisation *Eesti Liha* - opportunities and cooperation

*Anu Hellenurme, Meeli Lindsaar, Kaie Laaneväli-Vinokurov*

Small Ruminant Production in Estonia also needs Smart Precision Livestock Farming and Digital Technology Developments

*Peep Piirsalu*

Description of the Estonian national dairy herd based on genomic breeding values

*Tõnu Põlluäär, Tanel Kaart, Haldja Viinalass, Hardi Tamm*

Automated Body Condition Scoring as a Tool for Prognosis of Insemination Success on Dairy Farms

*Hanno Jaakson, Meelis Ots, Katri Ling, Priit Karis, Merike Henno*

Estonian Horse breeds' genetic diversity and relationships with other breeds

*Erkki Sild*

## Nimeloend

Helena Andreson

Dea Anton

David Arney

Uko Bleive

Riho Gross

Anu Hellenurme

Merike Henno

Reet Herm

Monica Nabil Gayed Ibrahim

Ülle Jaakma

Hanno Jaakson

Julia Jeremejeva

Marina Junusova

Ivi Jõudu

Tanel Kaart

Hedi Kaldmäe

Aili Kallastu

Piret Kalmus

Priit Karis

Marko Kass

Ants Kavak

Kristi Kerner

Heli Kiiman

Julia Koskar

Tiina Kriščiunaite

Liis Käosaar

Airi Külvet

Mary-Liis Kütt

Kaie Laaneväli-Vinokurov

Katrin Laikoja

Ragnar Leming

Meeli Lindsaar

Katri Ling

Giovanni Marcone

Kadrin Meremäe

Lidiia Moskalenko

Kerli Mõtus

Mihkel Mäesaar

Toomas Orro

Meelis Ots

Natalja Part

Peep Piirsalu

Kristi Praakle

Marit Priinits

Tõnu Põlluäär

Tõnu Püssa

Triin Rilanto

Mati Roasto

Julia Rosend

Linda Rusalepp

Reelika Rätsep

Tuula Sihvonen

Erkki Sild

Jelena Sögel

Ksenia Šestopalova

Hardi Tamm

Triin Tedersoo

Anna Traksmäe

Lea Tummeleht

Anneli Tuvike

Alo Tänavots

Helen Vaikma

Andres Valdmann

Varpo Vare

Dagni-Alice Viidu

Haldja Viinalass

Maret Viirma

Arvo Viltrop

Raivo Vilu



**Eesti Maaülikool**  
Estonian University of Life Sciences

[www.emu.ee](http://www.emu.ee)



Euroopa Maaelu Arengu  
Põllumajandusfond:  
Euroopa investeeringud  
maapiirkondadesse



Euroopa Liit  
Euroopa  
Regionaalarengu Fond



Eesti  
tuleviku heaks